

Transferibilidade de marcadores microssatélites de milho para estudo da variabilidade genética em cana-de-açúcar

Raquel Bartz Kneib^{1*}; Juliana Castelo Branco Villela²; Roberta Bartz Kneib¹; Natércia Lobato Pinheiro⁴; Sérgio Delmar dos Anjos e Silva⁵

¹Agronomia/ UFPEL/ bolsista Embrapa Clima Temperado; ²Dsc em Melhoramento Genético, bolsista Embrapa Clima Temperado; ³ Embrapa Clima Temperado; ⁴ Embrapa Clima Temperado
[*raquelkneib@yahoo.com.br](mailto:raquelkneib@yahoo.com.br)

Os marcadores moleculares são ferramentas que propiciam acesso ao genótipo e à variabilidade em nível de DNA em plantas. A caracterização do germoplasma através dos mesmos fornece informações essenciais da diversidade genética para os programas de melhoramento. Neste sentido, o presente trabalho teve como objetivo testar a transferibilidade de primers microssatélites de milho em genótipos de cana-de-açúcar. Os dados obtidos foram utilizados para estimar a distância genética entre os genótipos em estudo. A extração do DNA foi realizada utilizando folhas jovens de 25 genótipos de cana-de-açúcar segundo o protocolo descrito por FERREIRA e GRATTAPAGLIA. O SSR-PCR foi desenvolvido numa reação com *GoTaq Green Master Mix* a partir do protocolo desenvolvido pelo fabricante e o programa de amplificação utilizado foi do tipo *touchdown*. O produto da amplificação foi separado em gel de agarose 3,5% e visualizado por meio de coloração com o corante Gel Red. Foram utilizados 5 conjuntos de *primers* sintetizados a partir do genoma do milho, os quais foram testados nos genótipos de cana-de-açúcar para avaliar a transferibilidade dos marcadores SSR e sua amplificação. Para o cálculo da similaridade genética foi utilizado o coeficiente de Dice, e com base nas matrizes de similaridade geradas, foi construído um dendrograma por meio do método de agrupamento UPGMA. Para a verificação do ajuste entre a matriz de similaridade e o respectivo dendrograma, foi estimado o coeficiente de correlação cofenética, conforme Sokal & Rohlf. Os resultados obtidos permitiram observar que os 5 pares de *primers* de locos microssatélites do genoma do milho testados, mostraram eficiência na transposição para o genoma da cana-de-açúcar. O coeficiente de similaridade variou de 0,56 a 0,93, com uma similaridade média de 0,62, a qual foi utilizada para a separação dos grupos. A análise de distribuição dos 25 genótipos mostrou uma divisão dos mesmos em 4 grupos distintos, onde o agrupamento 1 foi formado por dois clones de ciclo precoce com uma variedade de ciclo médio. O genótipo 7005 variedade de ciclo precoce (grupo 2), apresentou-se de forma isolada, revelando a sua discrepância com os demais no presente estudo. No agrupamento 3 foi possível observar a presença de apenas variedades de ciclo médio e precoce. No agrupamento 4, pode-se observar a formação de dois subgrupos: subgrupo 4A que apresentou a reunião de clones de ciclo precoce com a variedade 7001 (RB835054), também de ciclo precoce, e subgrupo 4B, que revelou como genótipos mais similares da análise os clones de ciclo médio 7117 (RB966229) e 7132 (RB975038), e os clones 7206 (RB008347) e 7210 (RB987935), também de ciclo médio. O uso de marcadores moleculares microssatélites do genoma de milho foi eficiente para a caracterização molecular de genótipos de cana-de-açúcar.

Palavras-chave: cana-de-açúcar, milho, variabilidade