SIMILARIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE BATATA-DOCE ATRAVÉS DO MARCADOR AFLP

Julia Carolina Spolidoro Aardoom (PIBIC/UEPG), Rodrigo Rodrigues Matiello (orientador), e-mail: rrmatiel@uepg.br.
Universidade Estadual de Ponta Grossa/ Departamento de Fitotecnia e Fitossanidade

Ciências Agrárias/ Agronomia, Fitotecnia/ Melhoramento Vegetal
Palavras-Chave*: Ipomoea batatas L., coeficiente de Jaccard, polimorfismo de DNA, melhoramento vegetal.*

Resumo

Este estudo objetivou genotipar acessos de batata-doce através do polimorfismo dos fragmentos de DNA gerados pelo marcador molecular AFLP, visando analisar a variabilidade genética e estabelecer grupos heteróticos. O DNA genômico foi extraído de folhas novas e submetido à amplificação do marcador molecular AFLP. Os produtos da amplificação foram submetidos à eletroforese em gel de poliacrilamida (6%). A análise de dissimilaridade genética, utilizando o índice de Jaccard, revelou amplitude de 0,11 a 0,54. A análise de agrupamento pelo método UPGMA evidenciou a formação de cinco grupos heteróticos. Os resultados indicam ampla variabilidade genética entre os acessos de batata-doce do banco de germoplasma estudado.

Introdução

A batata-doce (Ipomoea batatas (L.) Lam.) espécie alógama e hexaplóide (2n=6x=90), devido ao seu elevado nível de ploidia apresenta grande diversidade fenotípica e genotípica, deve ser estudada para contribuir com futuros programas de melhoramento genético (BORGES et al., 2009). O marcador molecular AFLP permite obter muitos fragmentos amplificados, gerando elevado número de fragmentos no gel, permitindo estimar a similaridade genética entre um grupo de indivíduos. Este estudo visou genotipar acessos de batata-doce através do polimorfismo dos fragmentos de DNA gerados pelo marcador molecular AFLP, e estabelecer grupos heteróticos para analisar a variabilidade genética. Os resultados deste trabalho poderão ser explorados em cruzamentos artificiais futuros visando a obtenção de populações segregantes e genótipos com desempenho agronômico superior.

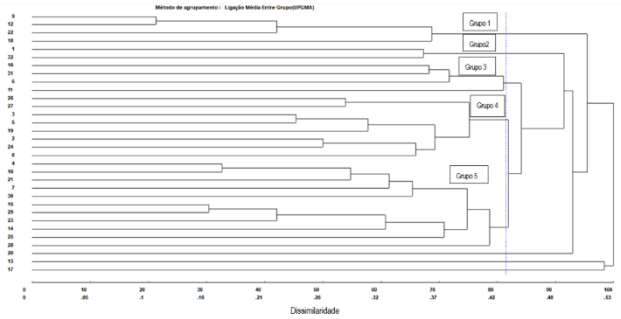
Materiais e Métodos

A genotipagem molecular foi realizada a partir de 32 acessos de batata-doce, pertencentes ao banco de germoplasma do LAMA (Laboratório de Mecanização Agrícola). O DNA genômico total foi extraído de folhas novas e submetido à amplificação do marcador AFLP. Primeiramente ocorreu a digestão do DNA com as enzimas EcoRI e MseI, seguida pela ligação dos adaptadores, pré-amplificação e amplificação seletiva. Os produtos da amplificação seletiva foram submetidos à eletroforese em gel de poliacrilamida e a partir da genotipagem binária (0 e 1) dos acessos, foi analisada a dissimilaridade genética, a partir do Coeficiente de Jaccard. A partir da matriz de dissimilaridade genética foi realizada a análise de agrupamento dos acessos de batata-doce pelo método UPGMA no programa GENES.

Resultados e Discussão

A amplificação seletiva gerou 68 fragmentos de DNA, dos quais 59 foram polimórficos (87% polimorfismo) e utilizados para a genotipagem. A dissimilaridade genética revelou amplitude de 0,11 a 0,54, com média de 0,36 para todas as comparações entre os acessos. O dendrograma evidenciou a formação de cinco grupos de acessos, a partir do ponto de corte de 0,44. O grupo I foi constituído pelos acessos 18, 22, 12 e 9. O G II pelos acessos 1 e 32. O G III pelos acessos 16, 31, 6 e 11. O G IV constituído pelos acessos 26, 27, 3, 5, 19, 2, 24, e 8. O G V composto por 4, 10, 21, 7, 30, 15, 29, 23, 14, 25 e 28. Os acessos de batata-doce 20, 13 e 17 ficaram isolados, sendo os mais divergentes geneticamente (Figura 1).

Figura 1. Dendrograma a partir da dissimilaridade genética existente entre 32 acessos de batata-doce através do marcador AFLP. Fonte: Autora.



Conclusões

A estimativa da dissimilaridade genética permitiu identificar considerável variabilidade genética entre os acessos de batata-doce do LAMA da UEPG. O agrupamento dos acessos de batata-doce pelo método UPGMA gerou cinco grupos heteróticos. Os acessos 20, 13 e 17 evidenciaram ampla dissimilaridade genéticas, sendo considerados os acessos mais promissores para gerar novas populações segregantes.

Agradecimentos

Agradeço a UEPG pela bolsa de Iniciação Científica (PIBIC-UEPG), ao meu orientador Prof. Dr. Rodrigo Rodrigues Matiello, ao meu co-orientador MSc. Anderson Carlos Finger e aos demais colegas pela colaboração.

BORGES, A. et al. CTAB methods for DNA extraction of sweetpotato for microsatellite analysis. **Scientia Agricola**, v. 66, p. 529 – 534, 2009.