

## Polimorfismo de $(GA)_n$ intra e inter SSR em germoplasma mandioca

Sousa, SB<sup>1</sup>; Sousa, NR<sup>2</sup>; Dias, MC<sup>2</sup>; Silva, GF<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Bolsista PAIC/FAPEAM - s.b.sousa@hotmail.com

<sup>2</sup>Embrapa Amazônia Ocidental  
nelcimar.sousa@cpaa.embrapa.br

**Palavras-chave:** *Manihot*, diversidade, ISSR, microssatelite, acesso, Amazonas

A identificação local de cultivares de mandioca, a troca de material genético entre produtores e o processo de multiplicação clonal podem aumentar drasticamente o número de genótipos repetidos em uma coleção, contribuindo para elevar o custo da caracterização e manutenção do germoplasma. A Embrapa Amazônia Ocidental tem adotado a estratégia de resgatar e conservar a variabilidade genética proveniente de roças de mandioca, visando sua exploração no programa de melhoramento de uma das culturas alimentares mais importantes para a agricultura familiar da região amazônica. As informações sobre a diversidade entre os clones coletados em diferentes locais do Estado do Amazonas poderão auxiliar na identificação de redundâncias e gestão do germoplasma. O objetivo do trabalho foi comparar o polimorfismo de  $(GA)_n$  Inter e Intra SSR na análise preliminar de acessos de germoplasma mantidos no Campo Experimental do Caldeirão, município de Iranduba. A pesquisa foi desenvolvida no Laboratório de Biologia Molecular da Embrapa Amazônia Ocidental, foram avaliados 120 clones coletados em diferentes localidades da região do Baixo Amazonas. O DNA foi extraído de folhas jovens empregando o método CTAB com ajustes. Os primers utilizados foram ISSR UBC (810, 811 e 818), e microssatélites (SSRY25 e SSRY49). As reações de ISSR foram preparadas em volume final de 15 $\mu$ L, contendo 1X de tampão IB (phoneutria), 1,5mM de MgCl<sub>2</sub>, 0,7mM de dNTP, 50ng de DNA, 0,3 $\mu$ M de *primer* e 1U de *Taq* polimerase, os produtos de PCR foram separados em gel de agarose 1,5%. As reações de SSR foram realizadas em volume de 15 $\mu$ L, contendo 1X de tampão IB (phoneutria), 1,5mM de MgCl<sub>2</sub>, 0,25mM de dNTP, 50ng de DNA, 0,2 $\mu$ M de cada *primer* e 1U de *Taq* polimerase e os produtos de PCR foram separados em gel de agarose 2%. Os géis foram digitalizados em sistema de captura de imagens. O tamanho das bandas variou de 300 a 3000 pb (ISSR) e 400 a 650 pb (SSR). O número médio de bandas por *primer* foi 3,5 (SSR) e 7,3 (ISSR), gerando polimorfismo de 100% e 77%, respectivamente. A menor estimativa de similaridade foi 0,27 (SSR) e 0,46 (ISSR), enquanto o valor máximo foi observado para ambos marcadores. Não houve coincidência nos agrupamentos formados pelo método UPGMA, porém a combinação dos dois marcadores discriminou os clones com similaridade máxima. Os resultados apontam a necessidade de maior número *primers* para análise da diversidade do germoplasma de mandioca, independente da posição da repetição GA.

Apoio Financeiro: EMBRAPA e FAPEAM