

## CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DA DIVERSIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES CLONAIS DE ALHOROXO

Dalvan Beise<sup>1\*</sup>; Ana de Carvalho<sup>1</sup>; Suelen Guterres<sup>1</sup>; Andressa Hilha<sup>1</sup>; Caroline Zanatta<sup>1</sup>; Lucas Franco<sup>1</sup>; Cristian Soldi<sup>1</sup>; Leocir Welter<sup>1</sup>; Miguel Guerra<sup>1</sup>; Valdir Stefenon<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Santa Catarina. \*dalvanbio@gmail.com

O Brasil é referência mundial na produção de alhos roxos do grupo nobre (*Allium sativum* var. *sativum*) tendo como berço a região do planalto catarinense e sendo uma importante fonte de renda para os agricultores da região. O alho roxo não apresenta reprodução sexuada, não produzindo semente biológica verdadeira. A falta de recombinação meiótica limita a geração de variabilidade genética natural as limitando primariamente a mutações somáticas. As mutações ocorrem naturalmente e são fixadas pela propagação vegetativa, oportunizando o ganho genético com seleção clonal. O objetivo do trabalho foi avaliar a diversidade genética entre e dentro das populações clonais estudadas visando auxiliar o produtor para seleção de material com características superiores. Foram selecionados oito populações clonais sendo cinco da região do planalto catarinense (SC) e três da região centro oeste e sudeste (CO/SE). O DNA foi extraído de dez plantas de cada população a partir do método CTAB 2% e posteriormente genotipados a partir de noventa e dois marcadores moleculares do tipo AFLP. Os padrões genotípicos de cada amostra foram registrados em matriz binária de acordo com a presença ou ausência de cada fragmento (1 ou 0, respectivamente), com o auxílio de *pipeline* própria utilizando a linguagem Phyton. Os parâmetros de diversidade genética número médio de alelos (A), número efetivo médio de alelos (Ae), índice de entropia de Shannon (I), índice de diversidade (H) e porcentagem de locos polimórficos (%P) foram calculados usando o programa GenAlEx. A relação genética entre amostras foi avaliada através de um dendrograma elaborado utilizando-se o índice de similaridade de Jaccard e o algoritmo UPGMA, com auxílio do software PAST 4.02. Os resultados mostram que a diferenciação entre os grupos SC e CO/SE, foi estimada em 1,0% utilizando o índice de diversidade de Shannon. A análise genético-molecular demonstrou existir variabilidade genética, tanto entre quanto dentro das populações clonais/cultivares avaliadas. Porém, a diferenciação genética encontrada nas amostras, está predominantemente entre os indivíduos/variedades e não entre os grupos. Essa informação é muito relevante, pois é necessário que haja variação genética dentro das populações clonais, sob seleção para obter ganhos genéticos com a mesma. Estes resultados demonstram que, a seleção clonal é uma estratégia viável para alcançar ganhos em produtividade do alho cultivado no Planalto Catarinense, além de contribuir para o estudo genético da espécie.

**Palavras-chave:** Seleção clonal; produção de alho; ganho genético.

**Agradecimentos:** A CAPES, a FAPEU, ao SEBRAE e a Universidade Federal de Santa Catarina.