

## **Análise da diversidade genética em genótipos de mandioquinha-salsa**

**Danieli F. Candido<sup>1</sup>; Adão A. R. Junior<sup>1</sup>; Laura Abatti<sup>1</sup>; Lucas V. Dallacorte<sup>1</sup>; Thiago de O. Vargas<sup>1</sup>; Taciane Finatto<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>UTFPR – Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Pato Branco. Via do Conhecimento, s/n, Km 1 - CEP 85503-390 - Pato Branco - PR - Brasil, danielifcandido@gmail.com, adaojunior0909@gmail.com, lauraabatti5@gmail.com, lucasdallacorte@alunos.utfpr.edu.br, thiagovargas@utfpr.edu.br, tfinatto@utfpr.edu.br.

### **RESUMO**

A mandioquinha-salsa (*Arracacia xanthorrhiza* Bancroft) é uma raiz tuberosa, sendo a parte mais importante por ser a porção comercial e comestível da planta, constituindo-se em um alimento nutritivo e de fácil digestão. No Brasil, diversas cultivares são plantadas e diferenciam-se fenotipicamente e pouco se conhece a respeito da variabilidade genética existente. O objetivo deste trabalho foi avaliar a diversidade genética em diferentes genótipos de mandioquinha-salsa. Foram utilizados 11 genótipos de mandioquinha-salsa sendo cinco cultivares registradas (Amarela de Senador Amaral (ASA), BRS Acarijó 56, BRS Catarina 64, BRS Rubia 41 e SCS381 Coqueiral), três genótipos conhecidos e não registrados (Amarela Comum, Branca Comum e Gigante de Angelina) e três clones (BGH 6311, BGH 6313, BGH 7609) oriundos do Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa. O DNA foi extraído de folhas jovens de cada um dos genótipos e amplificado por PCR (reação em cadeia da polimerase) utilizando marcadores microssatélites. A partir dos fragmentos polimórficos amplificados, foi realizado o estudo de similaridade genética entre os 11 genótipos. A similaridade média entre todos os genótipos foi de 0,76, indicando que a variabilidade molecular entre todos os genótipos é de apenas 24%. A correlação cofenética foi de 0,95 indicando um bom ajuste de matrizes. A análise da diversidade genética dos genótipos avaliados resultou na formação de três grupos. Os 11 genótipos estudados foram divididos em 3 grupos, Grupo 1 BRS Acarijó 56, Grupo 2 SCS381 Coqueiral e no Grupo 3 os demais genótipos (Amarela de Senador Amaral, Branca Comum, BGH 6311, BGH 6313, BGH 7609, BRS Catarina 64, BRS Rubia 41 e Gigante de Angelina), enfatizando a baixa variabilidade genética existente entre os genótipos. O genótipo que apresenta menor similaridade genética com os demais é a cultivar BRS Acarijó 56.

**PALAVRAS-CHAVE:** *Arracacia xanthorrhiza*, marcadores microssatélites, distância genética.

**AGRADECIMENTOS:** À UTFPR, CNPq (CNPq/MCTIC nº 016/2016 código 443245/2016-9) e a UNOESC Campus Xanxerê.