



DISSIMILARIDADE GENÉTICA POR MEIO DE MARCADORES SSR E DADOS MORFOAGRONÔMICOS DO BAG DE *Vitis* sp. DO IAC

Carollina da Silva Joaquim¹; Geovani Luciano de **Oliveira**²; Cinthia Souza **Rodrigues**³; Mara
Fernandes **Moura**⁴.

Nº 20113

RESUMO –A uva é uma das frutas de maior importância no Brasil e no mundo. Um dos aspectos mais marcantes da vitivinicultura brasileira é a sua diversidade. Em programas de melhoramento o conhecimento da variabilidade genética é fundamental para seleção de genitores. O Instituto Agrônomo possui um Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Uva, englobando mais de 10 espécies de *Vitis*. As informações de um BAG geralmente são extraídas pelos caracteres fenotípicos, devido ao baixo custo, no entanto, essas informações podem não ser tão precisas devido à exposição do fenótipo ao ambiente. Para contornar esse problema pode-se utilizar análise a nível molecular. A caracterização dos acessos em nível molecular é uma valiosa ferramenta para discriminá-los e para identificar possíveis sinonímias. Objetivou-se Comparar os agrupamentos gerados a partir da dissimilaridade genética de dados morfoagronômicos e a obtida através de marcadores microssatélites de 40 acessos de videira procedentes do BAG do Instituto Agrônomo (IAC). Os dendrogramas gerados com base em dados morfoagronômicos e moleculares apresentaram diferentes padrões de agrupamento. Observou-se que à nível molecular, os acessos Pinot Noir e Pinot Gris, não apresentaram divergência genética. O genótipo Pinot Gris, é resultado de uma mutação natural da cultivar Pinot Noir, que afeta a cor da baga. Essa diferenciação do acesso pode ser comprovada por meio dos dados agrônômicos. O uso de marcadores microssatélites foi eficiente para diferenciar os acessos e identificar sinonímias, porém possuem uma limitação quanto a diferenciação de mutações somáticas, sendo necessário a associação desta técnica com os dados fenotípicos.

Palavras-chaves: Germoplasma, variabilidade genética, UPGMA.

1 Autor, Bolsista CNPq (PIBIC): Graduação em Biologia, UNIP; carollsjoaquim026@gmail.com.

2 Colaborador, Doutorando em Genética e Biologia Molecular / Unicamp, Campinas-SP; geoluciano92@gmail.com.

3 Orientador: Bolsista IAC: Pós doutoranda PNPd, IAC, Campinas-SP; cinthia.rodrigues@iac.sp.gov.br.

4 Colaborador, Pesquisador do Instituto Agrônomo, IAC, Jundiaí-SP; mouram@iac.sp.gov.br.



ABSTRACT – *The grape is one of the most important fruits in Brazil and in the world. the most important aspects of Brazilian vitiviniculture is the genetic diversity. In breeding programs, knowledge about genetic variability is essential for the selection of parents. The Instituto Agrônômico has a Grape Germplasm Asset (BAG), with more than 10 species of Vitis. The BAG's information is usually extracted by phenotypic characters, because of the low cost, however, this information may not be as accurate due to the exposure of the phenotype to the environment. To prevent this problem, analysis at the molecular level can be used. The characterization of accessions at the molecular level is crucial to differentiate and exclude possible duplicates. Agronomic and molecular data of 40 grapevine accessions from the Agronomic Institute's BAG were used. The genotypes were separated into two groups both in the agronomic and molecular dendrogram, but with different grouping between the genotypes. It was observed that at the molecular level, the accessions Pinot Noir and Pinot Gris, not genetic divergence. In fact, the Pinot Gris genotype is the result of a natural mutation of the Pinot Noir cultivar, which affects the color of the berry. This differentiation of access can be proven through agronomic data. The use of molecular markers is efficient to differentiate the accessions and exclude possible duplicates, but the microsatellites were not able to differentiate genotypes that have mutations, being necessary to use phenotypic data to confirm the differentiation.*

Keywords: Germplasm, genetic variability, UPGMA.