

051

**VARIABILIDADE E SINONÍMIA EM MANDIOCA INVESTIGADAS ATRAVÉS DE MARCADORES MORFOLÓGICOS, RAPD E MICROSSATÉLITES.** *Luís M. Tisian, Roberto L.**Weiler e Sandra C. K. Milach* (Departamento de Plantas de Lavoura, Fac. de Agronomia-UFRGS; Embrapa Trigo).

A mandioca (*Manihot esculenta* L.) é uma cultura de grande importância no sistema produtivo das pequenas propriedades familiares gaúchas. No entanto, o fato da mandioca ser cultivada pelo uso das ramas e haver constantes trocas entre os agricultores, faz com que haja pouca certeza quanto a verdadeira procedência genética do material cultivado. Os objetivos deste trabalho foram de investigar o nível de variabilidade e casos de sinonímia entre acessos de mandioca utilizados no RS. Sessenta acessos de mandioca disponíveis na coleção da Estação Experimental de Taquari/RS (FEPAGRO) foram analisados para marcadores morfológicos, de RAPD e de microssatélites. Características morfológicas de folhas, caule e raízes foram analisadas para cada um dos genótipos. O DNA foi extraído através do método de extração com tampão CTAB, contendo 100 mM de Tris pH 7,5, 700 mM NaCl, 50 mM EDTA pH 8,0 e 1% de CTAB. As reações de PCR foram preparadas para um volume final de 13 µl, contendo 50 ng de DNA, 25 picomoles de *primer*, 1,5 mM de MgCl<sub>2</sub>, 200µM de dNTP, 1 unidade de enzima Taq polimerase e tampão da enzima 1x.. Os fragmentos amplificados de DNA foram separados em gel de agarose a 1,6% para RAPD e 3% para microssatélites. Os géis foram corados com brometo de etídio, visualizados em transiluminador e as imagens capturadas pelo programa Kodak Digital Science. Os dados foram analisados pelo programa NTSYS. Através das características morfológicas foi possível separar os acessos de mandioca em dois grupos, com o índice de similaridade média de 0,65. Contudo, não foi possível distinguir a maioria dos genótipos apenas com dados morfológicos, o que impossibilitou investigar os casos de sinonímia. Utilizando RAPD, foi possível separar os materiais em quatro grupos, com o índice de similaridade média de 0,49, e os acessos T 121 e SP 12, Barna e S 7511, RS 13 e S 5-77 e Apronta a Mesa VC e S60-10 apresentaram-se geneticamente idênticos. Mais análises de microssatélites estão em andamento para confirmar se esses acessos de fato representam o mesmo genótipo com nomes diferentes. Os dados de microssatélites obtidos até o momento permitem identificar alta variabilidade a nível de DNA entre os acessos, confirmando aqueles de RAPD (CNPq).