

ANÁLISE DA DIVERSIDADE E ESTRUTURAÇÃO GENÉTICA EM TABACO UTILIZANDO MARCADORES DArT-Seq.

Maisa Curtolo¹; Alessandro Alves Pereira¹; João Paulo Gomes Viana¹; Lucia Scuciato²; Carlos Eduardo Pulcinelli²; Luis Eduardo Aranha Camargo¹ e José Baldin Pinheiro¹.

¹ Universidade de São Paulo; Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (ESALQ); Departamento de Genética; Piracicaba, São Paulo, Brasil. maisa_curtolo@hotmail.com;

² Souza Cruz; Rio Negro; Paraná, Brasil- cmeduardo@souzacruz.com.br

O tabaco (*Nicotiana tabacum* L.) é a cultura agrícola não alimentícia de maior importância no cenário econômico nacional e internacional. Como em outras culturas, o melhoramento genético do tabaco é realizado com a utilização de uma estreita base genética. Dentre outras razões, o desconhecimento sobre a diversidade genética existente no germoplasma de tabaco constitui uma limitação para seu uso em programas de melhoramento. Por este motivo, o estudo da diversidade genética consiste no primeiro passo para o melhor aproveitamento deste germoplasma. Sendo assim, os objetivos deste trabalho foram: caracterizar a diversidade genética e entender a estruturação de 9 grupos varietais compostos por 94 acessos de tabaco. A caracterização molecular foi feita utilizando marcadores descobertos pela técnica de *Diversity Arrays Technology-sequencing* (DArT-Seq) ainda pouco explorados em tabaco. Após a obtenção dos marcadores, realizou-se uma filtragem que considerou as marcas com menor taxa de dados faltantes e maior reprodutibilidade, resultando em 505 marcadores SNPs de alta qualidade e 3624 marcadores DArT *In-silico*, estes baseados em presença/ausência dos fragmentos sequenciados. Em seguida, estimou-se a variação genética entre os grupos varietais pelo pacote hierfstat. A diversidade genética foi caracterizada por meio da análise de variância molecular (AMOVA), com o auxílio do pacote ade4. A estruturação genética entre os grupos varietais foi analisada através da análise discriminante de componentes principais (DAPC), utilizando o pacote adegenet. Por fim, o relacionamento entre indivíduos foi avaliado por meio de dendrogramas construídos com base no critério UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*) utilizando os coeficientes de dissimilaridades de Jaccard. Para as análises de agrupamento empregou-se o pacote cluster. Todas as análises realizadas foram feitas no ambiente computacional R. O resultado encontrado pela estimativa da variação genética revelou que essa é baixa para todos os grupos varietais ($H_O = 0,027$; $H_E = 0,043$), exceto para o grupo que inclui outras espécies do gênero *Nicotiana* ($H_O = 0,05$; $H_E = 0,22$). Pela análise de variância molecular (AMOVA) verificou-se que a maior parte da variação genética se encontra entre os grupos varietais (61,44%), enquanto a variação encontrada dentro dos grupos foi de 38,55%, evidenciando a estreita base genética dos grupos varietais de tabaco avaliados. A partir da análise DAPC sugere-se que os acessos podem ser agrupados em 3 *clusters*, estes apresentam correspondência com os grupos varietais. O primeiro *cluster* formado pela DAPC é composto pelas variedades Burley e Maryland, o segundo *cluster* pelas variedades Virginia e o terceiro formado pelos grupos Comum, Oriental, Amarelinho, Dark e Charuto. De modo geral, um agrupamento similar a análise DAPC foi observada na análise dos dendrogramas. Assim, de forma esperada, as variedades apresentam baixa variação genética refletindo o histórico de melhoramento das variedades avaliadas.

Palavras-chave: grupos varietais; *Nicotiana tabacum* L.; DAPC.