

## Diversidade Molecular Estimada por Meio de Marcadores Microssatélites em Populações de *Lolium Multiflorum*

Fernando Rodrigues de Oliveira<sup>1</sup>, Raquel Morais de Paiva<sup>2</sup>, Andrea Mittelman<sup>3</sup>, Ana Luisa Sousa Azevedo<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Bolsista de Iniciação Científica da Embrapa Gado de Leite. Bolsista do CNPq. e-mail: [rodrigues-fernando1989@bol.com.br](mailto:rodrigues-fernando1989@bol.com.br)

<sup>2</sup> Mestranda do curso de Pós graduação em Genética da Universidade Federal de Juiz de Fora. e-mail: [raquelpaiva@yahoo.com.br](mailto:raquelpaiva@yahoo.com.br)

<sup>3</sup> Pesquisadora Embrapa Gado de Leite. e-mail: [ana.azevedo@embrapa.br](mailto:ana.azevedo@embrapa.br); [andrea.mittelman@embrapa.br](mailto:andrea.mittelman@embrapa.br)

**Agradecimento:** ao CNPq

**Resumo:** O Azevém anual (*Lolium multiflorum* Lam.) é uma das principais gramíneas de inverno, proveniente da Europa, largamente utilizada no Sul do Brasil. A intensificação na atividade pecuária exige forrageiras com melhor desempenho animal, resultando na demanda por variedades melhoradas, adaptadas aos diversos ecossistemas pastoris. A Embrapa Gado de Leite possui um programa de melhoramento de Azevém que além de utilizar as ferramentas clássicas do melhoramento vegetal, utiliza ferramentas moleculares para auxiliar na seleção de genótipos superiores. Marcadores moleculares são muito importantes, pois não são influenciados pelo ambiente e permitem estimar a diversidade genética e a frequência gênica populacional. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi estimar a variabilidade genética entre populações de azevém pertencentes ao programa de melhoramento da Embrapa Gado de Leite. O DNA de 628 indivíduos, pertencentes a 32 populações, foi extraído, e marcadores microssatélites obtidos através de amplificação cruzada foram utilizados. Um dendograma foi gerado pelo algoritmo UPGMA, usando-se o software NTSYS. Dentre os trinta e cinco pares de primers testados, vinte e cinco (71,5%) apresentaram amplificação cruzada em *L. multiflorum*, o uso de marcadores previamente descritos para espécies proximamente relacionadas demonstrou ser uma alternativa eficiente para a identificação de marcadores microssatélites em azevém. Quinze marcadores foram escolhidos com base no sucesso da amplificação cruzada e no polimorfismo apresentado. Os valores do coeficiente de similaridade obtidos variaram de 0,51 a 0,94. Uma alta divergência genética entre as populações foi observada, indicando um alto grau de diversidade. Este resultado era esperado, já que *L. multiflorum* é uma espécie alógama com uma ampla distribuição geográfica. Estes dados serão úteis, pois auxiliarão os melhoristas na condução de cruzamentos direcionados além de auxiliar no controle da diversidade genética existente após os vários ciclos de seleção.

**Palavras chaves:** azevém, microssatélites, SSR