

Estimativas da diversidade genética de acessos de *Paspalum* spp. com o uso de marcadores microssatélites

Mônica Mascaro Ruscito¹
Bianca Baccili Zanotto Vigna²
Frederico de Pina Matta²
Alessandra Pereira Fávero²

¹Aluna de graduação em Engenharia Agrônômica, Centro Universitário de Araraquara, Araraquara, SP;

² Pesquisador, Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP.

As gramíneas do gênero *Paspalum* são nativas e apresentam várias espécies com grande valor forrageiro a ser explorado. Os objetivos deste trabalho foram a caracterização molecular e a estimativa da diversidade genética de acessos de *Paspalum* spp. previamente selecionados visualmente com base no porte da planta, número de perfilhos e relação folha/haste. Foram avaliados 26 acessos de *Paspalum* spp. juntamente com *Brachiaria brizantha* cv. Marandú e *Panicum maximum* cv. Tanzânia, ambos utilizados como grupos externos. Amostras de folhas jovens foram coletadas no Banco Ativo de Germoplasma (BAG), situado na Embrapa Pecuária Sudeste, em São Carlos, SP e tiveram seu DNA total extraído e quantificado. Oito marcadores microssatélites (SSR) previamente desenvolvidos para o gênero foram avaliados nestes acessos e os produtos obtidos foram resolvidos em géis de agarose 3% para analisar se houve amplificação dos fragmentos e em géis de poliácridamida 6% para resolução dos amplificadores. Os marcadores polimórficos foram genotipados de acordo com a presença ou ausência de bandas no gel, dada a impossibilidade da determinação da dosagem dos alelos devido à poliploidia da espécie. A diversidade genética foi determinada através do coeficiente de similaridade de Jaccard, a partir do qual foi feita uma análise de agrupamento dos acessos e obtido um dendrograma com o método UPGMA (*unweighted pair-group method, arithmetic average*). Observou-se uma tendência de agrupamento de acessos da mesma espécie, ou de espécies próximas, ou pertencentes a grupos botânicos próximos. A maioria dos acessos com espécies ainda não identificadas (*P. sp.*) agrupou-se a um acesso da espécie *P. plicatulum*, indicando uma possível identificação desses acessos como pertencentes a essa espécie, ou, pelo menos, ao Grupo Plicatula. Foi realizada uma análise de estrutura populacional utilizando uma estatística Bayesiana baseada em modelo, onde os genótipos foram atribuídos em quatro grupos com pools alélicos distintos. Os demais genótipos não apresentaram um padrão de agrupamento, embora a análise indique que espécies diferentes compartilham alelos entre si. Os agrupamentos de ambas as análises foram visualmente comparados e um grupo de sete indivíduos foi consistente em ambas as análises, apesar de pertencerem atualmente a diferentes espécies e grupos botânicos. O estudo da diversidade genética dos acessos de *Paspalum sp.* é importante para a conservação e valoração dos recursos genéticos presentes no BAG de *Paspalum sp.*, bem como para a indicação de possíveis genitores para cruzamentos dentro do programa de melhoramento genético, uma vez que quanto mais distinto geneticamente, maior a chance de ocorrer heterose nos híbridos.

Palavras-chave: microssatélites, germoplasma, diversidade genética, poliploidia

Apoio financeiro: FAPESP (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo, Processo #2011/20558-0), Bolsa PIBIC/CNPq (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, #125556/2013-6).

Área: Genética Vegetal e Melhoramento Vegetal / Biotecnologia