

Estrutura populacional e diversidade genética molecular de 26 acessos de *Paspalum* spp. com potencial forrageiro

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

¹ Aluna de graduação em Engenharia Agrônômica, Centro Universitário de Araraquara, Araraquara, SP; * ruscitomonica@gmail.com

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

Palavras Chave: *microssatélites*, *germoplasma*, *poliploidia*

Introdução

O gênero *Paspalum* é nativo e algumas espécies apresentam potencial forrageiro, podendo contribuir para a diversificação de espécies em pastagens tropicais. Os objetivos desse projeto foram estimar a diversidade genética e verificar a estrutura populacional de acessos do gênero com marcadores moleculares microssatélites, para uso na conservação e no melhoramento genético.

Resultados e Discussão

Foram avaliados 26 acessos de *Paspalum* spp. do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) do gênero da Embrapa Pecuária Sudeste, localizado em São Carlos-SP, bem como das cultivares comerciais *Panicum maximum* cv. Tanzânia e *Brachiaria brizantha* cv. Marandú. Foram genotipados 19 marcadores microssatélites, desenvolvidos para *P. notatum*, *P. atratum*, *P. regnellii* e *P. plicatulum*. Os alelos foram genotipados por presença e ausência de bandas, a partir da qual foi construído um dendrograma com o método UPGMA pelo coeficiente de similaridade de Jaccard (1). O método *bootstrap* foi usado para avaliar a confiança dos nós do dendrograma com 10.000 replicatas. Foram identificados K = 7 *pools* alélicos através da análise de estrutura populacional utilizando o programa STRUCTURE 2.3.3 (2,3), os quais foram denominados *clusters* de I a VII. Os agrupamentos do dendrograma foram visualmente comparados com os *pools* alélicos identificados (Figura 1).

Houve correspondência entre os agrupamentos das análises, com exceção para os genótipos 4 e 19 do *cluster* II e o genótipo 1 do *cluster* V. Isto pode ser explicado pela análise do STRUCTURE, que revela que estes indivíduos apresentam mistura de *pools* alélicos, o que fez com que eles se agrupassem no dendrograma com indivíduos que são formados em sua maioria pelo *pool* alélico secundário de seu genoma. O genótipo 1 apresenta o *pool* alélico verde como o segundo mais abundante, o que o levou a se agrupar no dendrograma aos acessos 4 e 19. Estes, por sua vez, apresentam o *pool* alélico turquesa em sua composição genômica, o que levou eles a se agruparem aos acessos do *cluster* VI no dendrograma. Isto evidencia a importância da análise do STRUCTURE, que permite visualizar *pools* alélicos. Os três acessos de *P. notatum* avaliados (6, 7 e 10) agruparam-se em ambas as análises e apresentaram-se homogêneos em sua constituição alélica, sendo formados em grande parte pelo mesmo *pool* alélico (vermelho). Estas evidências indicam que essa espécie é bastante diferente em relação às outras e a separação pode ter sido evidenciada pelo uso de *primers* específicos para essa espécie. Os dois acessos de *P. malacophyllum* avaliados (23 e 26) se agruparam com 96% de confiabilidade no dendrograma e apresentaram-se homogêneos em sua constituição alélica, sendo formados em grande parte pelo mesmo *pool* alélico (amarelo). Houve o mesmo tipo de correspondência para os *clusters* III, VI e VII, no entanto, as espécies agrupadas não são, necessariamente, próximas taxonomicamente, o que indica a necessidade de revisão da identificação dos acessos utilizados.

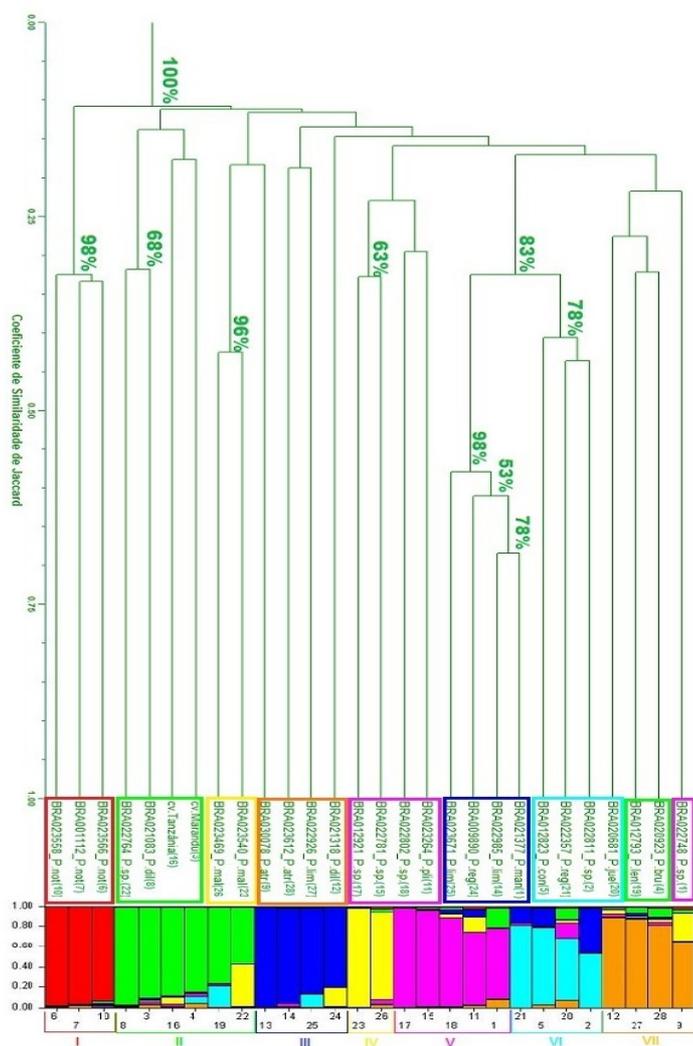


Figura 1. Esquema comparativo entre as análises de similaridade genética e estrutura populacional de 26 acessos de *Paspalum* sp. e duas cultivares comerciais de forrageira, a partir de 19 marcadores SSR. Cada indivíduo está representado por um número de identificação. Cada um dos genótipos está representado por uma única coluna fragmentada em segmentos com tamanho proporcional a cada um dos sete *pools* alélicos, cada um representado por uma cor. Os nós do dendrograma com mais de 50% de confiabilidade e os *clusters* de I a VII estão indicados.

Conclusões

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. como auxílio na identificação de espécies, bem como para a indicação de possíveis genitores para cruzamentos dentro do programa de melhoramento genético.

Agradecimentos

Apoio financeiro: FAPESP, Bolsa PIBIC/CNPq

Referências Bibliográficas:

- 1- Jaccard, P. et al. (1908) *Bull Soc Vaudoise Sci Nat*, 44:223-270.
- 2- Pritchard, J. K. et al. (2000) *Genetics*, 155:945-59.
- 3- Falush, D. et al. (2003) *Genetics*, 164:1567-87.