

SIMILARIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE *AXONOPUS* SPP. P. BEAUV. (POACEAE) COM BASE EM MARCADORES MICROSSATÉLITES DE *PASPALUM NOTATUM* FLÜGGÉ

Bianca Baccili Zanotto Vigna¹; Fernanda Ancelmo de Oliveira²; Alessandra Pereira Fávero¹; Anete Pereira de Souza³, Francisco H. Dübbern de Souza⁴

¹ Doutora em Genética e Biologia Molecular, Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP, Brasil, bianca.vigna@embrapa.br; alessandra.favero@embrapa.br

² Doutoranda em Genética e Biologia Molecular, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, SP, Brasil, f.ancelmo.o@gmail.com

³ Doutora em Biologia Celular e Molecular, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, SP, Brasil, anete@unicamp.br

⁴ Doutor em Fitotecnia, Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP, Brasil, francisco.dubbern-souza@embrapa.br

O gênero *Axonopus* P. Beauv. inclui cerca de 110 espécies distribuídas nas regiões tropicais e subtropicais. Destas, 75 ocorrem naturalmente no Brasil, onde várias são utilizadas como gramados e forrageiras. O objetivo deste trabalho foi estimar a similaridade genética de quatro acessos de *Axonopus* sp. com base em marcadores moleculares, visando suas caracterizações moleculares e eventual registro como cultivares para uso como gramados. Um dos acessos pertence à espécie *A. parodii* [Valls, ined.] (A), um a *A. fissifolius* (Raddi) Kuhl. (B) e dois são *Axonopus* sp. (C e D), componentes do Banco Ativo de Germoplasma de *Paspalum*, mantido na Embrapa Pecuária Sudeste, em São Carlos - SP. Foram coletadas folhas de cada acesso no campo, das quais foram extraídos os DNAs totais. Por reação da polimerase em cadeia, foram amplificados 16 locos microssatélites previamente desenvolvidos para *P. notatum* Flügge. Destes, treze amplificaram e foram polimórficos nos acessos avaliados, sendo resolvidos em gel de poliacrilamida 6% corados com nitrato de prata. Os locos amplificaram 174 bandas, as quais foram genotipadas por presença ou ausência de bandas. Foi montada uma matriz binária para cálculo do coeficiente de similaridade de Simple Matching (SM), um algoritmo que considera as ausências como informação, e construído um dendrograma pelo método UPGMA de clusterização. Os coeficientes SM variaram de 0,816 a 0,890, sendo A o mais divergente dentre os acessos avaliados e os acessos B e C os mais similares entre si (89% de similaridade). Kevin et al. (2010) obtiveram coeficientes SM entre 0,807 e 0,980 para 59 acessos de *Axonopus fissifolius* nos Estados Unidos por meio de avaliação com 20 combinações de primers de marcadores AFLP. No presente trabalho ficaram 1) confirmada a proximidade genômica entre os gêneros *Paspalum* e *Axonopus* dada a alta taxa de locos microssatélites de *P. notatum* transferidos para *Axonopus* (81%) e, 2) caracterizada variabilidade genética entre os acessos comparados. Estas informações poderão ser utilizadas para fins de conservação dos acessos, para o direcionamento de novas coletas, para o registro de cultivares para gramados e para o melhoramento genético de espécies do gênero.

Agradecimentos: À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES, Programa CAPES-EMBRAPA nº001/2011) e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP, #2013/14903-2) pelas bolsas de doutorado concedidas a F.A.O. e à EMBRAPA pelo financiamento.