



# 9º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas

tema

**MELHORAMENTO  
DE PLANTAS:  
Projetando o Futuro**

**14 a 17**  
de Agosto de 2017

Rafain Palace Hotel  
& Convention Center  
Foz do Iguaçu - PR

**E-Book**

Volume 1  
2017



## **E-BOOK do 9º CBMP**

**'Melhoramento de plantas: Projetando O Futuro'**

[ ISBN 978-85-94437-00-6 ]

Agosto/2017

### **Corpo Editorial - E-Book**

Profa. Dra. Maria Celeste Gonçalves-Vidigal (Editora Chefe), PGM-UEM

Prof. Dr. Pedro Soares Vidigal Filho, PGM-UEM

Prof. Dr. Ronald Barth Pinto, PGM-UEM

Prof. Dr. Carlos Alberto Scapim, PGM-UEM

Profa. Dra. Juliana Parisotto Poletine, PGM-UEM

Dra. Giselly Figueiredo Lacanallo, PGM-UEM

Dra. Giseli Valentini, PGM-UEM

Dra. Vanusa da Silva Ramos Martins, PGM-UEM

Dra. Gislayne Kelly Coimbra Gonçalves, PGM-UEM

Profa. Dra. Adriana Gonela, PGM-UEM

Thiago Alexandre Santana Gilio (Doutorando), PGM-UEM

Marcela Coêlho (Doutoranda), PGM-UEM

Sandra Aparecida de Lima Castro (Doutoranda), PGM-UEM

Julio Cesar Ferreira Elias (Doutorando), PGA-UEM

Rodrigo Chimenez Franzon (Doutorando), PGA-UEM

Profa. Dra. Vânia Moda-Cirino, Iapar

Profa. Dra. Rosana Rodrigues, UENF

Prof. Dr. Messias Gonzaga Pereira, UENF

Prof. Dr. Alexandre Pio Viana, UENF

Prof. Dr. Antônio Teixeira do Amaral Júnior, UENF

Profa. Dra. Luciana Lasry Benchimol-Reis, IAC.

Profa. Dra. Maria Celeste Gonçalves-Vidigal

Av. Colombo, 5790, Bloco J45, sala 103,

PGM/UEM, Maringá, 87020-900, PR, Brazil

Fones: 55 44 3011 8900 / 44 55 99908 8186

mcgvidigal@uem.br

<http://www.sbmp.org.br/9congresso/e-book>

# DIVERSIDADE GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE ALFAFA (*Medicago sativa* L.) COM BASE EM MARCADORES MICROSSATÉLITES

Bianca Baccili Zanotto Vigna<sup>1\*</sup>; Renato Maldigamm Scorsolini Marchini<sup>2</sup>; Ana Carolina Bueno<sup>3</sup>; Frederico de Pina Matta<sup>4</sup>, Reinaldo de Paula Ferreira<sup>5</sup>

1, 4, 5Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos-SP. 2Universidade Estadual de São Paulo, Jaboticabal-SP. 3Universidade Federal de São Carlos, Araras-SP.  
\*bianca.vigna@embrapa.br

A alfafa (*Medicago sativa* L.) é uma leguminosa originária do sudoeste da Ásia e é considerada uma das melhores plantas forrageiras para alimentação animal por conta de seu alto valor nutricional para ruminantes. É uma espécie alógama e autotetraploide, com  $2n=4x=32$  cromossomos. No Brasil, seu cultivo se baseia, praticamente, na cultivar Crioula e a busca por cultivares com bom desempenho agronômico e melhores adaptadas às condições tropicais se faz necessária. O objetivo deste trabalho foi estimar a diversidade genética de 78 genótipos de alfafa oriundos da Argentina com base em marcadores moleculares microssatélites (SSR). Foram coletadas folhas jovens de cada genótipo, das quais foram extraídos o DNA genômico total. Com base em levantamento na literatura, foram selecionados 29 marcadores SSR, os quais foram amplificados em reações em cadeia da polimerase (PCR) e resolvidos em gel de poliacrilamida 6% corados com nitrato de prata. Os fragmentos amplificados foram genotipados por presença (1) ou ausência (0) de DNA homólogo. Foi montada uma matriz binária para cálculo do coeficiente de dissimilaridade de Jaccard (D) e construído um dendrograma pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic Average*) de clusterização. Uma análise de *bootstrap* foi realizada com 1000 repetições. Os valores de PIC (*Polymorphism Information Content*) foram calculados para os locos amplificados. Onze locos apresentaram boa amplificação com temperatura de hibridização de 60°C ou 55°C e foram polimórficos nos acessos avaliados. Estes locos apresentaram 95 bandas, com uma variação de 3 a 16 bandas por loco, com média de 8,6 bandas por loco. Cinco locos ainda precisam ser genotipados em gel de poliacrilamida e 13 locos precisam ter suas condições de amplificação otimizadas. Com base nos 11 locos, os coeficientes D variaram de 0,36 (entre os genótipos 11 e 40) a 0,79 (entre 5 e 65), caracterizando uma grande variabilidade genética entre os genótipos avaliados. A análise de *bootstrap* apresentou três nós com reprodutibilidade acima de 60%, os quais separam os genótipos em três grandes grupos. Estes resultados poderão ser utilizados para o direcionamento de cruzamentos visando a obtenção de populações sintéticas dentro do programa de melhoramento genético de alfafa realizado na Embrapa Pecuária Sudeste.

**Palavras-chave:** SSR; dissimilaridade genética; recursos genéticos

**Agradecimentos:** À Embrapa pelo auxílio financeiro