

## TRANSFERIBILIDADE DE MARCADORES MICROSSATÉLITES ENTRE ESPÉCIES ARBÓREAS DA FAMÍLIA LEGUMINOSAE

K. C. D. de SOUZA<sup>1</sup>, A.Y. CIAMPI<sup>2</sup> (aciampi@cenargen.embrapa.br), D. GRATTAPAGLIA<sup>2</sup>

<sup>1</sup>UnB, <sup>2</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

A Família Leguminosae engloba diversas espécies arbóreas de grande interesse econômico como Jatobá, Pau Brasil, Copaíba e Sucupira, Atualmente, com a pressão existente sobre as florestas nativas, torna-se necessário um melhor entendimento dos níveis e distribuição da variabilidade genética existente para estas espécies. Estes estudos fornecerão subsídios para a coleta e conservação de recursos genéticos *in situ* e *ex situ*. Marcadores moleculares multialélicos e co-dominantes baseados SSR (Seqüências Simples Repetitivas) permitem uma análise detalhada da dinâmica e estrutura genética das populações remanescentes. Por outro lado, o desenvolvimento de marcadores microssatélites envolve uma série de etapas tecnicamente complexas e caras. O objetivo deste trabalho foi estudar a transferibilidade de marcadores microssatélites desenvolvidos a partir de bibliotecas genômicas de Copaíba para outras espécies de Leguminosae arbóreas. Esta possibilidade técnica permitiria incrementar significativamente a relação custo/benefício de marcadores existentes. A hipótese de trabalho foi a de que espécies filogeneticamente próximas apresentam homologia de seqüências flanqueadoras aos locos SSR, permitindo a transferibilidade. A transferibilidade de 28 locos SSR previamente desenvolvidos para Copaíba (*Copaifera langsdorffii*) foi avaliada em 24 espécies de Leguminosae arbóreas. Observou-se a amplificação de 11 dos 28 locos testados em 11 espécies. Para as espécies filogeneticamente mais próximas da Copaíba, como Jatobá (*Hymenaea courbaril* e *H. stignocarpa*), um maior número de locos pode ser amplificado, confirmando a hipótese testada. Entretanto, em uma análise mais detalhada do polimorfismo em PAGE em uma população de Jatobá, somente um dos locos transferidos apresentou alguma variabilidade alélica. Este resultado parece indicar, portanto, que os locos transferíveis são localizados em regiões genômicas mais conservadas, menos sujeitas à mutação e, com isso, menos polimórficas. Nas espécies mais distantes não foi possível a transferência de nenhum loco microssatélite indicando uma baixa homologia de seqüência. Estes resultados reforçam a necessidade de se construir biblioteca genômicas específicas para o desenvolvimento de microssatélites para uma espécie de interesse.

**Palavras-chave:** Polimorfismo, SSR, PAGE, variabilidade genética, *Copaifera langsdorffii*, *Hymenaea courbaril*.