

## VARIAÇÃO GENÉTICA EM NOVE LOCOS MICROSSATÉLITE, CARACTERIZADOS EM CINCO PROCEDÊNCIAS DE *Eucalyptus grandis*

M. KIRST; D. GRATTAPAGLIA (dario@cenargen.embrapa.br)

Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

Marcadores microsatélites são uma das ferramentas mais eficientes para discriminação de indivíduos e estudos de parentesco. A análise destes locos via PCR usando *primers* marcados com fluorocromos e detecção com sequenciador de DNA permite a geração de dados com alta acurácia e eficiência. Neste estudo utilizamos três sistemas de genotipagem semi-automatizados, baseados na amplificação de nove microsatélites, para acessar a variabilidade destes locos em cinco procedências de *E. grandis*. Um conjunto de 48 indivíduos de cada uma das procedências: Atherton, Davies Ck., Mt. Spec, Tinaroo e Wild River, foram usados para a geração de tabelas de frequências alélicas. Diversos parâmetros de conteúdo de informação genética foram estimados, incluindo a heterozigosidade esperada ( $H_e$ ), conteúdo de informação de polimorfismo (PIC), a probabilidade de identidade (I) e o poder de exclusão (Q). Todos os microsatélites foram considerados altamente informativos, com  $H_e$  e PIC variando de 0,72 – 0,93 e 0,69 – 0,93, respectivamente. A probabilidade de encontrar dois indivíduos com o mesmo genótipo para os locos avaliados, ou a probabilidade de identidade combinada, foi inferior a  $1.10^{-14}$ . O poder de exclusão, por sua vez, foi superior a 99,99%. O teste exato de Fisher mostrou que há diferenças significativas na distribuição de frequências alélicas entre procedências, para todos os locos ( $p < 0,01$ ). Finalmente, para analisar a variabilidade genética entre e dentro das procedências, foi feita uma análise da variância molecular (AMOVA). Conforme esperado, observou-se uma diferença significativa entre as procedências ( $P < 0,05$ ), a qual foi responsável por apenas 8,02% da variação, cujo restante (91,98%) foi detectado dentro de procedências.

**Palavras-chave:** Microsatélite (SSR), *Eucalyptus grandis*, Frequência Alélica, Variabilidade Genética

**Fonte financiadora:** CNPq