

VARIABILIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE *Brachiaria humidicola* UTILIZANDO A TÉCNICA DE RAPD

Salgado, L. R. (1); Chiari, L. (2); Valle, C. B. do (3); Jungmann, L. (3); Valle, J. V. R. do (1); Leguizamon, G. O. C. (4); (1) Acadêmico de Ciências Biológicas, UNIDERP, estagiário da Embrapa Gado de Corte, stigui@yahoo.com.br. (2) Bolsista DCR – CNPq, Embrapa Gado de Corte. (3) Pesquisadora, Embrapa Gado de Corte. (4) Laboratorista, Embrapa Gado de Corte.

A utilização de recursos genéticos nativos e/ou exóticos, estratégica no desenvolvimento de novas cultivares de forrageiras, depende tanto da identificação de acessos superiores do ponto de vista agrônomo quanto da variabilidade genética para sua utilização em programas de melhoramento. Com o objetivo de avaliar a variabilidade genética em *Brachiaria humidicola*, 58 acessos que constituem o banco de germoplasma da Embrapa Gado de Corte tiveram seus DNAs extraídos e amplificados utilizando 10 *primers* de RAPD. Após a análise dos perfis eletroforéticos em gel de agarose 1,5%, uma matriz de similaridade foi gerada utilizando-se o coeficiente de Jaccard e os acessos foram agrupados pelos métodos UPGMA e de Tocher. Os 10 *primers* geraram 100 bandas, sendo que 99% foram polimórficas e a similaridade genética interacessos variou de 0,945 a 0,076, esses resultados denotam uma alta variabilidade genética entre os acessos estudados. A análise de agrupamento pelo método de Tocher separou 4 grupos, sendo um grande grupo formado por 52 acessos, entre eles o acesso H031, único com modo de reprodução sexual dos acessos estudados, o segundo grupo com 4 acessos e mais dois grupos com um acesso cada. O agrupamento pelo método hierárquico UPGMA foi muito semelhante àquele obtido pelo método de Tocher só diferindo na disposição final dos grupos e a discriminação maior entre os acessos. Em ambos os métodos de agrupamento o local de origem ou o nível de ploidia dos materiais não parece ter influência na divisão dos grupos formados. Os resultados obtidos indicam claramente que existe um alto nível de variabilidade genética entre os acessos de *B. humidicola*, na sua maioria poliplóides (4x e 6x) e apomíticos na natureza. Esse estudo é de grande importância como subsídio ao programa de melhoramento do gênero *Brachiaria* em andamento nesse instituto de pesquisa. (Projeto financiado pela Embrapa, CNPq, FUNDECT e UNIPASTO).