

DESENVOLVIMENTO DE MARCADORES MOLECULARES MICROSSATÉLITES PARA *PASPALUM REGNELLII* MEZ A PARTIR DE BIBLIOTECA GENÔMICA ENRIQUECIDA.

Fernanda Witt Cidade¹, Tatiana Teixeira de Souza-Chies² & Anete Pereira de Souza¹

1 Instituto de Biologia-UNICAMP, Departamento de Genética e Evolução, Centro de Biologia Molecular e Engenharia Genética, Laboratório de Análises Genética e Molecular, Campinas, SP, Brasil.

2 Instituto de Biociências-UFRGS, Departamento de Botânica, Programa de Pós-Graduação em Botânica, Porto Alegre, RS, Brasil. fernandacidade@gmail.com

Paspalum regnellii Mez é uma espécie perene, distribuída, principalmente, nas regiões subtropicais do sul do Brasil, além de Paraguai e Argentina. Essa espécie apresenta caracteres de potencial forrageiro. Batista *et al.* (2005) evidenciaram a importância de *Paspalum regnellii* como pastagem cultivada para o Estado de São Paulo. Tendo em vista a importância desta espécie como forrageira nativa, este trabalho teve como objetivo desenvolver marcadores moleculares microssatélites para *P. regnellii* a fim de caracterizar geneticamente o banco de germoplasma da espécie. Foi construída uma biblioteca genômica enriquecida em microssatélites [(AC)_n e (AG)_n] para a espécie em questão. Para o desenvolvimento dos marcadores moleculares microssatélites cento e noventa e dois clones (192) foram seqüenciados, dos quais 51 continham microssatélites em suas seqüências, demonstrando a eficiência da metodologia de enriquecimento utilizada na construção da biblioteca em detrimento a outras metodologias empregadas. Como critério para a seleção dos microssatélites a serem desenvolvidos, foi utilizado um número mínimo de 5 repetições para dinucleotídeos, 4 para os tri e três para os tetra, penta e hexanucleotídeos. O número de repetições variou de 3 em hexanucleotídeos a 41 em dinucleotídeos. Os motivos mais abundantes encontrados nas seqüências microssatélites foram AC/TG (54,8%) e CA/GT (41,9%), respectivamente. Dentre os diferentes tipos de repetições os dinucleotídeos foram os mais abundantes (77%), seguidos pelos tri (10,8%), tetras (9,4%), penta (1,3%) e hexanucleotídeos (1,3%). A maioria dos microssatélites presentes nas seqüências constitui-se de microssatélites simples e perfeitos (72%), seguido dos compostos imperfeitos (13%), simples imperfeitos (9%) e compostos perfeitos (6%). (CNPq e FAPESP)

Palavras-chave: *Paspalum*, *Paspalum regnellii*, Microssatélites.