

Seção: Genética

DESENVOLVIMENTO E CARACTERIZAÇÃO DOS LOCOS DE MICROSSATÉLITES DE *Aeschynomene falcata* (Poir.) DC. (Leguminosae – Papilionoideae)

Caroline do Amaral POLIDO(1, 3)
Camila Campos MANTELLO(2)
Ana Paula MORAES(1)
Eliana Regina FORNI-MARTINS(1)

Microssatélites são marcadores moleculares ideais para estudos que envolvam variabilidade genética e relações filogenéticas. Os mesmos estão distribuídos de maneira uniforme e abundante pelo genoma, além de serem codominantes e multialélicos. Assim, os microssatélites apresentam o maior conteúdo informativo por loco gênico em relação aos demais marcadores moleculares. O presente estudo propõe: 1) caracterizar os locos de microssatélites de *Aeschynomene falcata*, uma leguminosa forrageira muito utilizada para alimentação bovina e 2) testar a transferibilidade dos mesmos em espécies próximas (*A. brevipes*, *A. paniculata*, *Dalbergia nigra* e *Machaerium vestitum*). A partir dos microssatélites de *A. falcata* foram desenhados 23 iniciadores para caracterização destes locos em 15 acessos. Para avaliar a transferibilidade, foram utilizados 14 indivíduos das espécies próximas. Os produtos de PCR foram analisados em gel de agarose 3% e genotipados em gel de poliacrilamida 6%. Dos 23 iniciadores desenvolvidos, 10 amplificaram em *A. falcata* (sete polimórficos e quatro monomórficos), totalizando 31 alelos. Destes iniciadores, oito amplificaram também nas espécies próximas. Os valores de heterozigosidade observada e esperada variaram de 0,00 a 0,71 e de 0,14 a 0,83, respectivamente. Os valores de informação de conteúdo de polimorfismo variaram de 0,13 a 0,77. O número de alelos por loco variou de 1 a 7, sendo que o loco 11 apresentou a maior quantidade de alelos e a média de alelos por loco foi 2,7. Dois locos apresentaram mais de uma região de amplificação: o loco 8 é monomórfico em duas regiões e o loco 10 apresenta uma segunda região polimórfica, mas apenas para as espécies próximas. Estes resultados viabilizam futuras análises de relações evolutivas entre as espécies, a partir do mapeamento físico destas sequências amplificadas, tanto em *A. falcata*, como em espécies próximas.

Palavras-chave: Fabaceae, variabilidade genética, relações filogenéticas

Créditos de Financiamento: FAEPEX, FAPESP, CNPq

(1)Universidade Estadual de Campinas, Instituto de Biologia, Departamento de Biologia Vegetal, Laboratório de Biossistemática.

(2) Universidade Estadual de Campinas, Instituto de Biologia, Centro de Biologia Molecular (CBMEG), Laboratório de Análise de Genética Molecular.

(3)carol.bioveg@gmail.com