

071

CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DA COLEÇÃO NUCLEAR DE TREVO-BRANCO (TRIFOLIUM REPENS L.). *Vladirene Macedo Vieira, Fernanda Bortolini, Miriam Trevisan, Andrea Polidori Celia, Maria Teresa Schifino-Wittmann, Miguel Dall Agnol (orient.)* (UFRGS).

Dentre as leguminosas utilizadas em pastagens consorciadas, o trevo-branco destaca-se pelo seu alto rendimento e qualidade de forragem. Este trabalho teve o objetivo de realizar a análise molecular da coleção nuclear de trevo-branco, a fim de verificar a variabilidade genética existente pela obtenção de fingerprints genômicos de cada acesso. A coleção é oriunda do Departamento de Agricultura dos Estados Unidos e é composta de 79 acessos de diversos países e em diferentes estados de melhoramento. Foram utilizados bulks de 20 indivíduos por acesso, caracterizados através de marcadores do tipo RAPD que foram obtidos a partir da análise de 24 iniciadores, os quais revelaram de 3 a 29 bandas (total de 371 bandas polimórficas e apenas uma monomórfica) de tamanhos entre 50 e 3098 pares de bases (pb). Os resultados indicaram similaridade genética média entre os acessos, variando de 0,18 a 0,58 (índice de Jaccard), com média de 0,24. Observando-se o dendrograma gerado, e tomando a similaridade genética média (0,24) como ponto de corte, verificou-se que os 79 acessos agruparam-se em sete grupos. O maior índice de similaridade (0,58) ocorreu entre dois materiais selvagens, o acesso 39 da Grécia e o 40 do Afeganistão, e entre dois cultivares, o acesso 47 da Suécia e o 50 da África do Sul. Já, os menores valores de similaridade ocorreram entre os acessos 51 (Argentina) e 9 (Japão) com similaridade de 0,05 e entre o acesso 51 com dois da Itália (acessos 1 e 11), e entre o acesso 80 (EUA) com o 12 (Casaquistão) e o 16 (Colômbia), apresentando índice de similaridade de 0,06. O acesso 24 (Espanha), juntamente com o 78 (Marrocos) foram os que apresentaram menor similaridade genética média (0,18) em relação a todos os outros acessos analisados. Os resultados permitiram a identificação e a diferenciação dos acessos estudados com apenas três iniciadores e evidenciaram a grande variabilidade genética existente nesta espécie, que poderá ser usada nos programas de melhoramento.