

DIVERSIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE *Desmanthus* *leptophyllus*

Evandro Neves Muniz^{1*}, João Pedro Menezes da Cruz¹, José Henrique Albuquerque

Rangel¹, Juliana Lopes de Souza¹ e Ana Veruska Cruz da Silva¹

Embrapa Tabuleiros Costeiros. evandro.muniz@embrapa.br

RESUMO – A jureminha (*Desmanthus* sp.) se destaca entre as plantas nativas com potencial forrageiro do nordeste brasileiro devido à sua elevada qualidade nutricional, caracterizada por alto teor de proteína bruta e boa digestibilidade, além de ser altamente aceita e palatável para ruminantes. Em Sergipe, é encontrada na zona da mata, agreste e no semiárido. Nas áreas de ocorrência em comparação com outras forrageiras, muitas vezes é uma das primeiras a ser escolhida pelos animais. Desde o final dos anos de 1990 a Embrapa Tabuleiros Costeiros desenvolve pesquisas com o gênero *Desmanthus*, que possui 24 espécies e, há cerca de 10 anos, conserva um banco genético ex situ e também de sementes. *Desmanthus leptophyllus* é uma das espécies que compõe esse banco, uma leguminosa nativa do Brasil e de outros países da América Latina, pertencente à família Fabaceae. O presente trabalho foi desenvolvido com o objetivo de estimar a diversidade genética de acessos de *Desmanthus leptophyllus*. Para a extração do DNA, foram coletadas folhas jovens de 13 acessos, cada um representado por oito indivíduos. Foram selecionados seis primers ISSR, que resultaram em fragmentos 100% polimórficos. A diversidade dentro de cada acesso (73%) foi maior que entre eles (27%). O número médio de alelos distintos (Na) e o número de alelos efetivos (Ne) foi de 1.536 e 1.454, respectivamente. O índice de Shannon foi 0,369, e a heterozigosidade esperada média, 0,263, resultados que sugerem que a diversidade existente entre os acessos é de moderada a baixa. O dendrograma obtido pelo método UPGMA revelou a formação de dois grandes grupos e a existência de duplicatas. É fundamental que o BAG seja enriquecido com novos acessos para manter a diversidade conservada.

Palavras-chave: leguminosa; recursos genéticos; forrageira nativa.

Agradecimento: Embrapa. CNPq Processo 313273/2021-9.