Caracterização molecular de populações melhoradas de *B. ruziziensis*[1]

Tatiane Peters Donato[2], Fernando Rodrigues de Oliveira[3], Daniele Ribeiro de Lima Reis[4], Fausto de Souza Sobrinho[5], Ana Luisa Sousa Azevedo[5,6]

[1]O presente trabalho foi realizado com o apoio do CNPq, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - Brasil: Parte do projeto "Melhoramento genético e desenvolvimento de cultivares de *Brachiaria* spp. visando à sustentabilidade da produção pecuária"
[2]Graduanda em Ciências Biológicas – Centro de Ensino Superior de Juiz de Fora CES/JF. Bolsista do CNPq. e-mail: tatiane18.tpd@gmail.com
[3] Bolsista de Apoio Técnico – Fapemig e-mail: rodrigues-fernando1989@hotmail.com.br
[4]Analista, Embrapa Gado de Leite. e-mail: daniele.reis@embrapa.br
[5]Pesquisador, Embrapa Gado de Leite. e-mail: fausto.souza@embrapa.br ana.azevedo@embrapa.br
[6]Orientadora

Resumo: O gênero *Brachiaria* contem diversas espécies forrageiras amplamente utilizadas na pecuária de leite e carne em regiões de clima tropical. A grande maioria das pastagens cultivadas no Brasil pertence ao gênero *Brachiaria* o que reforça a enorme importância econômica do gênero. A Embrapa coordena diversos programas de melhoramento entre eles, o programa de *Brachiaria ruziziensis* que visa desenvolver cultivares superiores adaptadas a solos ácidos, com alto valor nutritivo e resistência a cigarrinhas das pastagens. Ferramentas moleculares são utilizadas nos programas de melhoramento para determinar a diversidade molecular e auxiliar a realização de cruzamentos entre genótipos contrastantes. O objetivo do presente trabalho foi determinar a diversidade molecular existente entre populações de *B. ruziziensis* pertencentes ao experimento de valor de cultivo e uso – VCU desenvolvido pela Embrapa Gado de Leite. Foram analisadas amostras de quatro populações provenientes do programa de melhoramento e a cultivar Kennedy, utilizada como testemunha. Cada população estava representada por 50 indivíduos, totalizando 250 amostras. As análises moleculares foram realizadas utilizando 18 marcadores microssatélites e os alelos foram identificados utilizando eletroforese capilar (MegaBACE 1000). Os resultados foram analisados no programa GenAlEx. Foram identificados 160 alelos distribuídos entre os 18 marcadores analisados, o marcador Brz019 apresentou apenas três alelos enquanto o Brz029 apresentou 17 alelos. A AMOVA evidenciou maior variabilidade (75%) entre indivíduos, ou seja, apenas 25% da variabilidade é oriunda da diversidade existente entre as populações. Foi possível obsevar também, através da análise de diversidade, que os maiores valores de dissimilaridade foram observados com a população Kennedy. Esse resultado confirma a grande divergência existente entre as populações geradas pelo programa de melhoramento e a única cultivar de *B. ruziziensis* disponível no mercado.

Palavras-chave: *Brachiaria*, Melhoramento, microssatélites, molecular.