

# Diferenciação molecular de genótipos de *Panicum maximum*

Primeiro autor: Luccas Pereira Pires

Demais autores: Pires, L. P.<sup>1\*</sup>; Colado, M. L. Z.<sup>2</sup>; Vilela, M. M.<sup>3</sup>; Leguizamon, G. O. C.<sup>4</sup>; Meireles, K. G. X.<sup>2</sup>

## Resumo

Diante da necessidade premente de se diferenciar de forma precisa as cultivares de gramíneas forrageiras desenvolvidas e protegidas pela Embrapa, frente ao mercado de pirataria de sementes, uma estratégia inédita para discriminação molecular de genótipos está sendo desenvolvida. Muitos testes foram realizados, confirmando que a estratégia mostrou-se eficiente em diferenciar o genótipo T das cultivares comerciais de *Panicum maximum*, com exceção de uma delas (PM1), para qual algumas replicatas apresentaram o mesmo padrão molecular de T. A equipe se viu diante do seguinte impasse: seria a estratégia ineficiente ou haveria contaminações? Visando validar a nova estratégia, o objetivo deste trabalho foi caracterizar o perfil molecular dos genótipos T e PM1 utilizando treze marcadores microssatélites (SSRs) que sabidamente diferenciam ambos os genótipos. Para isso, foram coletadas três replicatas biológicas de T e dezoito replicatas de PM1 provenientes de três diferentes locais de cultivo (A, B e C), sendo seis de cada local. As extrações de DNA e as reações de PCR foram realizadas segundo protocolos pré-estabelecidos no laboratório. A separação

---

(1) Graduando da Universidade Católica Dom Bosco - UCDB, luccaspirescm@gmail.com. (2) Bióloga bolsista de Apoio técnico. (3) Analista B do Laboratório de Biotecnologia Vegetal. (4) Técnica do Laboratório de Biotecnologia Vegetal. (5) Pesquisador da Embrapa Gado de Corte. \* Autor correspondente.

dos fragmentos e a genotipagem foram feitas em géis de poliacrilamida 6% impregnados com prata. Ao mesmo tempo essas amostras foram avaliadas utilizando a nova estratégia, para efeito de comparação. A análise dos géis de SSRs permitiu identificar, no total, 45 bandas, das quais 33 mostraram-se polimórficas entre T e PM1. Como esperado, o perfil molecular de 17 das 18 replicatas de PM1 foi idêntico para os 13 SSRs. Apenas uma replicata, proveniente do local de cultivo C, apresentou perfil molecular idêntico ao genótipo T. O mesmo resultado foi obtido utilizando-se a estratégia inédita. Os resultados indicaram que o problema encontrado inicialmente foi provavelmente uma contaminação esporádica na área de cultivo, portanto, a estratégia inovadora da equipe é eficiente para diferenciação molecular de genótipos.

### Parceria / Apoio financeiro

Embrapa, CNPq, Unipasto.