

XVI Workshop de Iniciação Científica da Embrapa Gado de Leite
Juiz de Fora – 13 de Agosto de 2015

Transferência de marcadores microssatélites entre espécies do gênero *Brachiaria*¹

Fernando Rodrigues de Oliveira¹, Daniele Ribeiro de Lima Reis², Fausto de Souza Sobrinho³, Ana Luisa Sousa Azevedo^{3, 4}

¹Graduando em Biologia – Centro de Ensino Superior de Juiz de Fora CES/JF. Bolsista do CNPq. e-mail: rodrigues-fernando1989@bol.com.br

²Analista, Embrapa Gado de Leite. e-mail: danielle.reis@embrapa.br

³Pesquisador, Embrapa Gado de Leite. e-mail: fausto.souza@embrapa.br ana.azevedo@embrapa.br

⁴Orientador

Resumo: O gênero *Brachiaria* inclui espécies de grande importância para pecuária tropical, desempenhando um papel primordial na produção de carne e leite no Brasil. O melhoramento genético de forrageiras tropicais, realizado pela Embrapa, visa desenvolver cultivares resistentes à cigarrinha das pastagens, alto valor nutritivo, adaptação a solos ácidos e maior produção de sementes. A utilização de ferramentas moleculares vem sendo empregada associada às práticas convencionais de melhoramento, porém o conhecimento do genoma de *Brachiaria* é muito restrito, o que limita o avanço dessas metodologias. Muitas das espécies pertencentes ao gênero são poliploides, o que dificulta as análises moleculares. Recentemente o genoma diploide da *B. ruziziensis* foi sequenciado e centenas de marcadores microssatélites foram identificados. Visando ampliar as ferramentas moleculares disponíveis dentro do gênero *Brachiaria*, o objetivo desse trabalho foi avaliar a transferência de marcadores microssatélites identificados em *B. ruziziensis* entre as espécies *B. brizantha*, *B. decumbens*, *B. humidicola*. Foram testados 36 microssatélites em três genótipos de cada uma das espécies, totalizando 12 amostras. As genotipagens foram realizadas no sequenciador de DNA MegaBACE e as análises estatísticas realizadas no programa GenAEx. Entre os 36 microssatélites testados, 13 falharam em todas as quatro espécies, inclusive em *B. ruziziensis*, indicando que pode ter ocorrido falha humana durante o preparo da amplificação. Novas amplificações serão realizadas para confirmar esse resultado. Os demais 23 microssatélites funcionaram em pelo menos uma das quatro espécies avaliadas. A taxa de transferência foi de 30%, 96% e 96% para *B. humidicola*, *B. brizantha* e *B. decumbens* respectivamente. Foram identificados 79 alelos distribuídos entre os 23 marcadores. Os resultados obtidos serão utilizados em trabalhos futuros para identificação de marcadores específicos e caracterização de cultivares e para estudos de diversidade molecular.

Palavras-chave: diversidade molecular, melhoramento, SSR