

Associação genômica ampla na seleção para apomixia em *Panicum maximum* Jacq.

Primeiro autor: Celina de Medeiros Ragalzi

Demais autores: Ragalzi, C. M.^{1*}; Simeão, R. M.²; Vilela, M. M.³; Ventura, E. F.⁴; Jank, L.²

Resumo

Panicum maximum é uma gramínea forrageira de alta qualidade, com as cultivares mais produtivas no mercado brasileiro e adaptada a vários tipos de clima e solos. Dentre os desafios do melhoramento desta forrageira encontram-se as dificuldades em compreender o mecanismo da reprodução por apomixia e a identificação precoce do modo de reprodução em progênies híbridas. O objetivo deste trabalho foi identificar e validar marcadores moleculares microssatélites associados à apomixia em uma população híbrida de *P. maximum*. Foram feitas análises genômicas em 400 indivíduos do Banco de Germoplasma (BAG) com base em 30 marcadores microssatélites (SSR) e foi estimada a correlação entre os valores fenotípicos dos indivíduos e os seus valores genético-genômicos. Análises iniciais em acessos apomíticos e sexuais do germoplasma identificaram os *primers* que deram origem aos marcadores com os maiores efeitos na expressão do caráter apomixia. Esses *primers* microssatélites foram experimentados em uma população de híbridos intraespecíficos de *P. maximum*, obtidos do cruzamento entre um acesso apomítico (Tanzânia) e dois genótipos sexuais (S10 e S12). Os híbridos intraespecíficos analisados foram caracterizados quanto ao modo de reprodução,

(1) Graduanda da Universidade Católica Dom Bosco - UCDB, celina_ragalzi@hotmail.com

(2) Pesquisadora da Embrapa Gado de Corte. (3) Analista B da Embrapa Gado de Corte

(4) Graduando da Universidade Anhanguera-Uniderp * Autor correspondente.

se sexual ou apomítico, por meio de análise de sacos embrionários por microscopia. As análises moleculares foram baseadas em marcadores SSR obtidos de três locos analisados estatisticamente como binários. A eletroforese foi automatizada em sequenciador de DNA e a genotipagem realizada pelo programa GeneMaker. Observou-se uma diferença no número de alelos esperados e obtidos nos acessos do BAG em função de modificação no método de leitura dos produtos de PCR, afetando a reprodutibilidade dos marcadores. Dessa forma, a correlação entre marcadores de maior efeito no modo de reprodução dos híbridos e os seus valores fenotípicos foi de 20%. As próximas etapas nesse estudo envolvem a padronização da técnica de análise molecular e a análise da população híbrida como população de descoberta.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, CNPq e Unipasto.