



2º WORKSHOP

Melhoramento Vegetal

Contribuições, Avanços e Perspectivas para o Cerrado Brasileiro
- 14 a 16 de junho de 2016 | Campo Grande, MS -

Transferibilidade de marcadores microssatélites entre espécies do gênero *Urochloa*

FERREIRA, R. C. U. (1)*; CHIARI, L. (2); SOUZA, A. P. (3)

- (1) UNICAMP - Laboratório de Análise Genética Molecular - Instituto de Biologia.
(2) Embrapa Gado de Corte - Laboratório de Biotecnologia Vegetal.
(3) UNICAMP- Departamento de Botânica - Instituto de Biologia.

*Autor para correspondência: rebeccaubricht@hotmail.com

O gênero *Urochloa* (sinonímia *Brachiaria*) compreende espécies de gramíneas forrageiras de grande importância para a pecuária bovina brasileira, pois quase todos os nutrientes que os ruminantes precisam são obtidos diretamente do pasto. Apesar da enorme relevância desse gênero, estudos genético-moleculares são escassos devido à complexidade das espécies, em sua maioria apomíticas e poliploides. O uso de marcadores moleculares, permite compreender mais detalhadamente a estrutura genética das espécies e, conseqüentemente, possibilita o avanço de programas de melhoramento na busca por cultivares de forrageiras mais produtivas. Visando ampliar as ferramentas moleculares disponíveis dentro do gênero *Urochloa*, o objetivo desse trabalho foi avaliar a transferibilidade de marcadores microssatélites identificados em *U. decumbens* entre quatro outras espécies do gênero. Para tanto, dois genótipos das espécies *U. brizantha*, *U. dictyoneura*, *U. ruziziensis* e *U. humidicola* foram avaliados com 82 marcadores microssatélites. A genotipagem foi realizada com a resolução dos fragmentos amplificados em géis desnaturantes de poli(acrilamida 6% corados em nitrato de prata. Por se tratarem de espécies poliploides, os microssatélites foram avaliados como marcadores dominantes. A partir dos dados dos alelos (presença ou ausência), observou-se que todos os microssatélites foram transferidos para pelo menos uma das diferentes espécies do gênero *Urochloa* que foram testadas, sendo que 31% dos marcadores amplificaram em todas as espécies, indicando absoluta transferibilidade. A maior transferência foi detectada em *U. ruziziensis* (99%), seguida por *U. brizantha* (92%), *U. dictyoneura* (56%) e *U. humidicola* (38%). A elevada proporção de marcadores amplificados em *U. ruziziensis* e *U. brizantha* era esperada devido à proximidade genética entre essas espécies e *U. decumbens*, já relatada em trabalhos anteriores. Ademais, *U. brizantha*, *U. ruziziensis* e *U. decumbens* formam um complexo agâmico e produzem híbridos férteis. Foram identificados 351 alelos diferentes distribuídos entre os 83 marcadores, dos quais oito são exclusivos de *U. humidicola*, quatro alelos são exclusivos de *U. brizantha* e dois alelos são exclusivos para *U. ruziziensis*. Os resultados obtidos serão utilizados em trabalhos futuros de diversidade genética, identificação de marcadores específicos, caracterização de cultivares e, futuramente, poderão auxiliar na seleção assistida por marcadores para o avanço dos programas de melhoramento genético do gênero *Urochloa*.

Palavras-chave: brachiaria, gramíneas forrageiras, marcadores moleculares, SSR.

Parceria/Apoio financeiro: CAPES, EMBRAPA e FAPESP.

Realização:



Patrocínio:



Apoio:



Promoção:

