



IV Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

Recursos genéticos no Brasil:
a base para o desenvolvimento sustentável

Centro de Convenções
Expo Unimed | Curitiba-PR

08 a 11
de novembro de 2016



CARACTERIZAÇÃO E OTIMIZAÇÃO DE *PRIMERS* SSR PARA *B.BRIZANTHA*, *B.HUMIDICOLA* E *B.DECUMBENS*.

Nayara Carvalho¹; Paulo Henrique dos Santos Leite²; Felipe Mont`alvão Canela³;
Diva Maria de Alencar Dusi⁴; Roberto Coiti Togawa⁵; Zilneide Pedrosa de Souza
Amaral⁶; Lucimara Chiari⁷; Vera Tavares de Campos Carneiro⁸; GlauCIA Salles
Cortopassi Buso^{9*}.

^{1,2,3}Universidade de Brasília – UnB, Brasília-DF; ^{4,5,6,8,9}Embrapa Recursos Genéticos e
Biotecnologia, Brasília-DF; ⁷Embrapa Gado de Corte, Campo Grande-MS
*glauCIA.buso@embrapa.br

Braquiárias são gramíneas nativas da África, introduzidas no Brasil como forrageiras com grande adaptabilidade, sobretudo na região Centro-Norte. O gênero *Brachiaria* pertence à família *Poaceae*, tribo *Paniceae* e compreende aproximadamente 100 espécies. As espécies *B.brizantha*, *B. humidicola* e *B. decumbens* são bastante utilizadas na América tropical e subtropical e fazem parte do Programa de Melhoramento da Embrapa Gado de Corte. A caracterização genética do germoplasma por meio de análises de variabilidade representa grande auxílio para o conhecimento dos recursos genéticos e do melhoramento convencional, na identificação e seleção de genótipos de interesse, no sentido de se introduzir genes para maiores possibilidades de recombinações. Marcadores moleculares SSR (Simple Sequence Repeats) tem sido utilizados como uma eficiente ferramenta para análises de variabilidade genética. Assim, o objetivo deste estudo foi desenvolver *primers* SSR para a espécie *B.brizantha*, otimizar e caracterizar esses iniciadores para *B.brizantha*, *B.humidicola* e *B.decumbens*. Os acessos utilizados foram provenientes do Banco Ativo de Germoplasma de *Brachiaria* da Embrapa Gado de Corte, e consistiram em: 40 acessos de *B. brizantha*, 12 de população segregante de *B. humidicola* e 12 de *B.decumbens*. O desenho dos *primers* foi baseado em sequências disponíveis no banco de sequências expressas de *B.brizantha* do Projeto Embrapa SEG “Genômica funcional e controle genético da reprodução sexual e apomítica de plantas com perspectivas biotecnológicas”, que após mineração, agrupamento e redução da redundância, resultaram em 315 *primers* SSR EST (Expressed Sequence Tags). Os locos foram amplificados por meio de reações de PCR (Polymerase Chain Reaction) e a separação dos fragmentos por eletroforese em gel de poliacrilamida 5%. Foi testado para polimorfismo um total de 154 *primers* SSR, com número de genótipos reduzido para cada espécie. A proporção de Locos polimórficos foi maior em *B.brizantha*, que apresentou 51,95% de locos polimórficos, e menor em *B.humidicola*, que apresentou 25,33% de polimorfismo. *B.decumbens* apresentou 40,91% de polimorfismo dentre os *primers* testados. Dessa forma, estes *primers* podem ser utilizados em estudos moleculares envolvendo marcadores SSR para o gênero.

Palavras-chave: *Brachiaria*; Microssatélites; Polimorfismo

Agradecimentos: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; Embrapa Gado de Corte; Universidade de Brasília.