

## RAS0002 - SEQUENCIAMENTO DE NOVA GERAÇÃO (NGS) DE UROCHLOA MOSAMBICENSIS: UMA FORRAGEIRA PROMISSORA PARA O SEMIÁRIDO

**Autores:** Ueslei Silva Leao - 1º Autor (UNIVERSIDADE FEDERAL DO PIAUI); Luice Gomes Bueno - Co-Autor (EMBRAPA CAPRINOS E OVINOS); Diego Veras Wilke - Co-Autor (UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARA); Rodrigo Maggioni - Co-Autor (UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARA); Geice Ribeiro Da Silva - Co-Autor (UNIVERSIDADE FEDERAL DO PIAUI); Aline Barbosa Negreiros - Co-Autor (UNIVERSIDADE FEDERAL DO PIAUI); Fabio Mendonca Diniz - Orientador (EMBRAPA CAPRINOS E OVINOS)

**Área:** Agropecuária **Tipo:** Pesquisa **Nível:** Pós-graduação **STA2:** Sim

**Resumo:** A forrageira *Urochloa mosambicensis*, conhecida vulgarmente por capim corrente, capim urochloa, capim gunia, grama de Sabi, é uma espécie de gramínea da família Poaceae originária da Rodésia (África) e foi introduzida no Brasil em 1922 para alimentação de animais criados no semiárido nordestino. De importância econômica para pecuária de caprinos e ovinos da região apresenta vantagens como suportar pastejo próximo ao nível do solo e ser uma planta perene, bem adaptada às regiões quentes e secas com chuvas no verão. Sua produtividade gira em torno de 6,8 toneladas/ha de massa seca por corte realizado e seu feno apresenta altos níveis proteicos e de digestibilidade. O Sequenciamento de Nova Geração (NGS) permite um maior tamanho das leituras e grande capacidade de gerar informações em relação ao método tradicional (Sanger) o que proporciona trabalhar com coberturas genômicas mais amplas, facilitando o processo de montagem de genomas desconhecidos. Essa otimização do processo de sequenciamento provém do uso de clonagem *in vitro* e de sistemas de suporte sólido para as unidades de sequenciamento, desprezando a produção de clones bacterianos, a montagem de placas de sequenciamento e a separação de fragmentos em géis. A técnica é utilizada por exemplo no desenvolvimento de marcadores moleculares, em especial marcadores microssatélites de DNA, os quais para esta espécie são ainda inexistentes. Neste contexto, este estudo tem por objetivo realizar o sequenciamento de nova geração da espécie *Urochloa mosambicensis* para a mineração de regiões microssatélites a fim de serem utilizados em estudos de melhoramento desta importante forrageira. Para esse fim, foi extraído aproximadamente 1 mg de tecido vegetal, utilizando o DNeasy Plant Mini Kit (Qiagen). A construção da biblioteca genômica foi realizada a partir de 0,2 ng de DNA genômico, seguindo o protocolo padrão da Illumina Nextera DNA Kit. O sequenciamento do DNA foi realizado utilizando o sequenciador MiSeq (Illumina). Um total de 149.259 contigs, a partir de 57.170.592 reads, resultaram da utilização do programa de montagem CLC Genomics Workbench 7.0.4. Tamanho máximo e mínimos dos reads foram 200 e 25.210 bases, respectivamente. Os contigs tiveram tamanho médio de 383 bases. O programa Msatcommander 0.8.2 identificou loci microssatélites com 2-6 repetições em blocos em 3491 contigs. Em geral, os microssatélites apresentam uma grande abundância genômica nos eucariotos, sendo o polimorfismo de comprimento de pares de bases de DNA revelado pelo produto de amplificação das regiões microssatélites, via PCR (Polymerase Chain Reaction). Foram desenhados 30 pares de primers no programa WEBSAT. Estes estão sendo otimizados e validados, e posteriormente serão depositados no banco de dados do NCBI (GenBank).

**Keywords:** capim corrente, biotecnologia, genoma, gramínea, microssatélites