

Caracterização molecular de genótipos das coleções de trabalho de *Urochloa mosambicensis*

Santos, Maria de Fátima Nascimento dos^{1*}; Azevedo, Barbara Lourdes Souza²; Leão, Ueslei Silva³; Jesus, Antonieta Alexandrina de³; Bueno, Luíce Gomes⁴; Diniz, Fábio Mendonça⁵

A escassez de alimentos para os rebanhos durante os longos períodos de estiagem é, sem dúvida, um dos maiores entraves ao desenvolvimento da pecuária na região semiárida brasileira. Nessa perspectiva, nem sempre a busca pelo aumento da produção é o melhor caminho; mas sim, principalmente, a busca por sistemas que melhor se adaptem às condições ecológicas e sócio-econômicas dos produtores. O capim-corrente, *Urochloa mosambicensis* (Hack.) Dandy., é uma das forrageiras que podem ser usadas na formação de pastagens cultivadas com propósitos específicos para a alimentação animal. Apesar do potencial de gramíneas como *U. mosambicensis*, ainda é escassa a disponibilidade de cultivares adaptadas para o semiárido. Desta forma, este estudo foi elaborado tendo por objetivo gerar informações genéticas, por meio da caracterização molecular dos genótipos da coleção de trabalho de *U. mosambicensis* na Embrapa Caprinos e Ovinos, tendo em vista o melhoramento da espécie, na implementação de um programa robusto de melhoramento genético. Folhas frescas foram coletadas e utilizadas na extração de DNA de cada acesso ($n = 14$), e 100 iniciadores do tipo Inter Simple Sequence Repeats (ISSR) foram testados via reação em cadeia da polimerase (PCR) a fim de inferir a proximidade/diversidade genética de diferentes acessos. O produto do PCR foi submetido à eletroforese em gel de agarose (1,8%) e os dados gerados foram plotados em uma matriz binária onde cada indivíduo foi classificado de acordo com a presença (1) ou ausência (0) de bandas para cada locus. As similaridades entre amostras foram estimadas pela análise de Cluster utilizando o método UPGMA. Dos 100 primers testados apenas 6 apresentaram amplificação sem ambiguidades. A temperatura de anelamento destes primers variou de 42-47°C, o que é esperado tendo em vista o tamanho reduzido do oligonucleotídeo. Os amplicons variaram em tamanho de 300 a 1600 pares de base. O número de alelos amplificados por primer variou de 5 (UBC-827) a 13 (UBC-834). O primer com maior taxa de polimorfismo (25%) foi o UBC-884. O dendrograma obtido pela análise de Cluster, baseada

no coeficiente de similaridade de Jaccard, não mostrou indícios que indiquem uma possível estruturação genética. Adicionalmente, foi revelado a proximidade genética entre alguns acessos, ou até a possível presença de acessos redundantes. Uma análise com maior número de acessos é importante para estudos de caracterização molecular, tendo em vista a maior precisão que poderá ser obtida da análise. Estes primers ISSR selecionados são importantes nos estudos para caracterização molecular, seleção e conservação de germoplasma em espécies de *Urochloa*.

Palavras-Chave: Capim-corrente, melhoramento genético, tolerância a seca, diversidade genética

Suporte Financeiro: Embrapa, CNPq

¹Aluno de graduação em Zootecnia da Universidade Estadual Vale do Acaraú-UVA, Bolsista PIBIC/CNPq/Embrapa

²Aluno do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará-IFCE, Campus Sobral, Bolsista BICT/FUNCAP/Embrapa

³Doutorando da Rede Nordeste em Biotecnologia (RENORBIO/UFPI)

⁴Pesquisadora da Embrapa Caprinos e Ovinos

⁵Pesquisador da Embrapa Caprinos e Ovinos, Orientador

*Apresentador do pôster: santosfatima135@gmail.com