

Sequenciamento do genoma de *Urochloa mosambicensis* com o uso da tecnologia de alto desempenho (NGS) e mineração por regiões repetitivas

Azevedo, Barbara Lourdes Souza^{1*}; Santos, Maria de Fátima Nascimento dos²; Ueslei Silva Leão³; Antonieta Alexandrina de Jesus³; Bueno, Luíze Gomes⁴; Diniz, Fábio Mendonça⁵

É crescente a demanda de produtores por forrageiras mais resistentes à seca, produtivas e com maiores concentrações de nutrientes, em todas as regiões do país, especialmente no semiárido brasileiro. O capim-corrente, *Urochloa mosambicensis* (Hack.) Dandy, é uma das forrageiras recomendadas pela Embrapa, que pode ser usada na formação de pastagens cultivadas com propósitos específicos para a alimentação animal e para o enriquecimento e uso em sistemas integrados. Porém é ainda uma espécie pouco conhecida sob o ponto de vista genético, e desta forma, ações de melhoramento ainda são incipientes. Para *U. mosambicensis* não existem marcadores genéticos específicos que possam ser utilizados na caracterização molecular. Neste contexto, este projeto teve por objetivo realizar o sequenciamento e disponibilizar informações sobre o genoma desta forrageira tropical. Assim, acessos ($n = 5$) da coleção do germoplasma de *U. mosambicensis* da Embrapa Caprinos e Ovinos tiveram o DNA extraído utilizando o kit DNeasy Plant (Qiagen). A amostra de DNA com maior peso molecular teve seu genoma sequenciado na plataforma MiSeq Illumina, com alvo nos fragmentos de 500 pb com leituras de 2 x 250 pb em uma configuração de sequenciamento de extremidade emparelhada. O sequenciamento de Illumina MiSeq resultou em 57.170.592 reads, que foram montadas em um total de 149.259 sequências contigs. Leituras mínima e máxima foram de 200 e 25.210 bases, respectivamente, com um tamanho médio de 383 bases. A densidade média de regiões de repetição em tandem (bp/Mb de sequências mineradas) foi de 7,74% consistindo de di- a hexa-nucleotídeos com pelo menos seis repetições cada. Estas sequências foram cadastradas no GenBank sob números de acesso MH742936 a MH742945. Um total de 10 regiões foram indicadas com potencial para marcadores moleculares.

Palavras-Chave: Capim-corrente, melhoramento genético, microssatélites, diversidade genética

Suporte financeiro: Embrapa, FUNCAP

¹ Aluno de graduação do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Ceará-IFCE, Campos Sobral, Bolsista BICT/FUNCAP/Embrapa

² Aluno de graduação em Zootecnia da Universidade Estadual Vale do Acaraú-UVA, Bolsista PIBIC/CNPq/Embrapa

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

⁴ Pesquisadora da Embrapa Caprinos e Ovinos

⁵ Pesquisador da Embrapa Caprinos e Ovinos, Orientador

*Apresentador do pôster: barbaralourdes003@gmail.com