

**NOME DO PRIMEIRO AUTOR****ADNA CRISTINA BARBOSA DE SOUSA**

5ª Jornada Científica da Embrapa Gado de Corte  
21 a 23 de outubro de 2009

Campo Grande - MS

**Formulário de Submissão de Resumo****TÍTULO**

**CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DO BANCO DE GERMOPLASMA DE *Panicum maximum* Jacq.**

**AUTORES**

SOUSA, A. C. B. (1)\*; JANK, L. (2); CAMPOS, T. (3); SFORÇA, D. A. (4); JUNGSMANN, L. (2); SOUZA, A. P. (5)

**CHAMADA DE RODAPÉ**

(1) Doutoranda da Universidade Estadual de Campinas - Unicamp, adna@unicamp.br. (2) Pesquisadora da Embrapa Gado de Corte. (3) Doutoranda da Universidade Estadual de Campinas. (4) Graduando da Universidade Estadual de Campinas. (5) Professora e Pesquisadora do Instituto de Biologia Vegetal da Universidade Estadual de Campinas

**RESUMO**

*Panicum maximum* Jacq. está entre as principais forrageiras cultivadas no Brasil. Ocupa uma posição de destaque, por apresentar elevada produção e qualidade, ser de fácil propagação por sementes e altamente palatável ao gado. Por causa da importância e do potencial desta espécie, nosso objetivo foi acessar a diversidade genética do germoplasma de *P. maximum*, por meio de marcadores microssatélites, visando gerar informações que poderão auxiliar nos programas de melhoramento, reduzindo o custo e o tempo de lançamento de novos cultivares. Foram utilizados 30 marcadores, para caracterizar 396 genótipos tetraplóides, pertencentes ao Banco de Germoplasma da Embrapa Gado de Corte-MS. As reações de PCR (*Polymerase Chain Reaction*) foram realizadas para um volume final de 25 µL, contendo: 20mM de Tris-HCl pH 8,4; 50mM de KCl, 1,5mM de MgCl<sub>2</sub>; 0,15mM de cada dNTP; 0,8mM de *primer*; 10ng de DNA e 0,1 U de Taq DNA polimerase. Para amplificação foi utilizado o *Touchdown PCR* (62°-47°C). Os produtos amplificados foram genotipados em géis de poliacrilamida 6% corados com prata. Foram calculados os índices de PIC (*Polymorphism Information Content*), o qual fornece uma estimativa do polimorfismo do loco, e o valor do D (*Discriminating Power*) para comparar a eficiência dos marcadores para identificação varietal. Para a análise de divergência genética e estruturação da população foram utilizados os programas NTSYS-PC 2.1., DARwin 5.0.157. e Structure 2.2. Os índices de PIC e D variaram de 0,27 a 0,82 e 0,37 a 0,98, respectivamente. Por meio dos dendrogramas, foi possível observar a formação de grupos bem definidos entre os genótipos de *P. maximum*. Foram observados genótipos com 100% de identidade entre si. Todos os genótipos foram coletados na África, por isso não houve correlação entre a distância genética e a localização, comprovando a eficiência desses

marcadores para diferenciar os genótipos e caracterizar a diversidade genética dentro da espécie.

**PARCERIA/APOIO FINANCEIRO**

Embrapa Gado de Corte, Unicamp, Fapesp, CNPq e Unipasto

\* autor correspondente