

## Melhoramento molecular como ferramenta para aumentar a qualidade das forrageiras tropicais *Brachiaria brizantha* e *Panicum maximum*

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, 2010

Lucimara Chiari<sub>1</sub>, Cacilda Borges do Valle<sub>1</sub>, Liana Jank<sub>1</sub>, Karem Guimarães Xavier Meireles<sub>1</sub>, Leticia Jungmann Cançado<sub>1</sub>, Rosangela Maria Simeão Resende<sub>1</sub> e Germán Spangenberg<sub>2</sub>

Embrapa Gado de Corte<sub>1</sub>; Victorian AgriBiosciences Centre<sub>2</sub>

### INTRODUÇÃO

As pastagens constituem a principal fonte de alimentação dos bovinos no Brasil. O desempenho desses animais em pastagens depende do potencial genético do animal, da disponibilidade de forragem na pastagem, da qualidade desta forragem e do consumo da mesma por parte do animal (CÔSER et al., 2008). Cabe ressaltar que em criações que visam produção de carne, o acréscimo no desempenho dos bovinos resulta em menor permanência do animal no sistema, reduzindo a produção de metano (CH<sub>4</sub>) durante o seu ciclo de vida, contribuindo para mitigar a emissão de gases de efeito estufa (GEE).

Dentre as principais espécies utilizadas nas pastagens brasileiras estão *Brachiaria brizantha* e *Panicum maximum*, gramíneas tropicais (C4), de origem africana, amplamente adaptadas às condições edafo-climáticas do País. Elas apresentam elevada taxa de crescimento e produção de matéria seca, em virtude da maior eficiência na fixação de carbono (C4) em relação às gramíneas temperadas (C3), porém a sua qualidade (proteína e digestibilidade) é, em geral, inferior a das gramíneas temperadas (C3), cuja degradação ruminal é mais rápida devido à parede celular menos espessa, ou seja, com menor teor de compostos indigeríveis, como a lignina (CABRAL et al., 2004).

Tendo em vista a complexidade genética de *B. brizantha* e *P. maximum* (poliplóides e apomíticas) novas técnicas genômicas e da biotecnologia moderna (transgenia) apresentam-se como abordagens promissoras para obtenção de novas cultivares com melhor qualidade. Para viabilizar esta abordagem sem o pagamento de taxas de licenciamento e “royalties” há necessidade de se buscar genes e promotores que possam ser utilizados em construções gênicas para obtenção dessas gramíneas forrageiras tropicais geneticamente melhoradas.

### OBJETIVO

O objetivo neste projeto será a identificação de genes da via de biossíntese de lignina para sua posterior manipulação, down-regulação, em plantas transgênicas, visando o aumento da qualidade da forragem.



Capim-marandu



Capim-mombaça

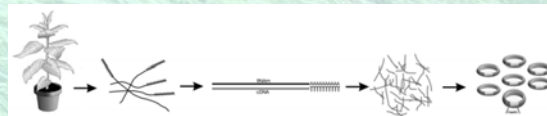
### METODOLOGIA PROPOSTA

Serão construídas três bibliotecas de cDNA (folha, caule e raiz) para as cultivares *B. brizantha* cv. Marandu e *P. maximum* cv. Mombaça.

Sementes clonais serão germinadas e o material vegetal será coletado de plantas adultas no mesmo estágio de desenvolvimento para extração de RNA.

Para todas as bibliotecas o RNA total será extraído e submetido à purificação dos RNA mensageiros. Os cDNAs serão obtidos por RT-PCR. As bibliotecas serão construídas utilizando-se o vetor pDNR-LIB (Clontech Laboratories) (Fig. 1).

A plataforma Roche GS-FLX-Titanium, disponível no Victorian AgriBiosciences Centre, será utilizada para o sequenciamento massivo em paralelo dessas bibliotecas.



Esquema representativo das principais etapas na geração de bibliotecas de cDNA: extração de RNA mensageiro – síntese reversa utilizando RT-PCR – síntese de cDNA dupla fita – Clonagem dos cDNAs (MALONE et al., 2006).

A escolha da estratégia baseou-se no fato de que a análise de ESTs permitirá a busca de genes homólogos da via de biossíntese de lignina, objetivo desta proposta, mas também irá gerar um grande volume de informações a respeito da expressão gênica, o que não está disponível, para essas espécies de forrageiras tropicais.

### RESULTADOS POTENCIAIS

Geração de um banco de dados de ESTs de folhas, caules e raízes de *B. brizantha* e *P. maximum*, que permitirá a prospecção de genes homólogos da via de biossíntese de lignina, alvos para down-regulação em plantas transgênicas, visando a obtenção de cultivares GM com melhor qualidade. Além disso, possibilitará a busca de marcadores moleculares (SSR e SNP) e outros genes de interesse econômico.

### REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- CABRAL, L. da S.; VALADARES FILHO, S. de C.; DETMANN, E.; ZERVOUCLAKIS, J. I.; VELOSO, R. G.; NUNES, P. M. M. Taxas de digestão das frações protéicas e de carboidratos para as silagens de milho e de capim-elefante, o feno de capim-tifton-85 e o Farelo de Soja. *Revista Brasileira de Zootecnia*, Viçosa, v. 33, n. 6, p. 1573-1580, dez. 2004.
- CÔSER, A. C.; MARTINS, C. E.; DERESZ, F.; FREITAS, A. F. de; PACIULLO, D. S. C.; ALENCAR, C. A. B. de; VÍTOR, C. M. T. Produção de forragem e valor nutritivo do capim-elefante, Irrigado durante a época seca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 43, n. 11, p. 1625-1631, nov. 2008.
- MALONE, G.; ZIMMER, P. D.; MENEGHELLO, E. B.; PESKE, S. T. Prospecção de genes em bibliotecas de cDNA. *Revista Brasileira de Agrociência*, Pelotas, v. 12, n. 1, p. 07-13, jan-mar. 2006.