

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

5^a 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 MgCl₂; 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