

## Otimização de iniciadores (primers) de loci microssatélites obtidos a partir do transcritoma de Urochloa decumbens

DÉO, T. G. (1); LEGUIZAMÓN, A. C. (2); VILELA, M. M. (3); SALGADO, L. R. (3); CHIARI, L. (3)\*

(1) Graduanda em Biotecnologia pela Universidade Federal da Grande Dourados (2) Graduanda em Ciências Biológicas pela Universidade Federal de Mato Grosso do Sul (3) Embrapa Gado de Corte, Laboratório de Biotecnologia Vegetal \*Autor para correspondência: <u>lucimara.chiari@embrapa.br</u>

Urochloa decumbens (Sinonímia Brachiaria decumbens) é conhecida pela sua alta produtividade e adaptabilidade em solos ácidos e de baixa fertilidade. Apesar de destaque na pecuária de corte nacional, estudos genéticos sobre a espécie ainda são um fator limitante para os programas de melhoramento genético, uma vez que a reprodução prevalecente é a apomítica e os indivíduos podem se apresentar de diploides a pentaploides. A recente técnica de RNA-Seq utilizada para sequenciamento de transcritomas, proporciona a identificação de marcadores moleculares do tipo microssatélites presentes em regiões funcionais do genoma, relacionados a características agronômicas importantes o que pode levar a maior eficiência em programas de melhoramento genético. O objetivo deste estudo foi otimizar as condições de amplificação de pares de primers de loci microssatélites obtidos a partir do transcritoma de U. decumbens, para posterior caracterização em géis de poliacrilamida. Para isto, foi extraído o DNA de quatro plantas do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Gado de Corte, sendo duas diploides e duas tetraploides, e estes foram usados para otimização de 100 pares de primers, por meio da amplificação da região microssatélite via PCR (Reação em Cadeia da Polimerase). Nas PCRs, foi utilizado um gradiente de temperatura que variou entre 54° e 66°C, e, os fragmentos amplificados foram analisados em gel de agarose 2,0%. Nesta etapa são selecionados os pares de primers que amplificarem um fragmento no tamanho esperado. Foi obtido 51% de amplificação esperada, sendo que 48 pares deprimers apresentaram temperatura ótima entre 60°C a 66°C e 3 pares de primers entre 54°C a 59°C. Os produtos de PCR apresentaram tamanho entre 90 a 390 pb de acordo com o par de primer analisado. Com estes resultados pode-se afirmar que os primers otimizados estão aptos para testes em géis de poliacrilamida, muito mais trabalhosos, e aqueles polimórficos serão aptos para estudos genéticos na espécie, auxiliando o programa de melhoramento em diferentes fases, além de possibilitar estudos de conservação e uso de germoplasma.

Palavras-Chave: braquiarinha, forrageira, marcadores moleculares, SSR.

Parceria/Apoio financeiro: EMBRAPA, FUNDECT e UNIPASTO.

Realização:















Apoio:





Promoção:



