Ciências Biológicas

Contagem cromossômica em acessos poliploides de *Urochloa dictyoneura*

Livia Oliveira Gava - 3º módulo de ciências biológicas, UFLA, iniciação científica voluntária

Renata Barbosa de Oliveira Tenório - 3º módulo de ciências biológicas, UFLA, iniciação científica voluntária

Lucas Muñoz Mendes - Coorientador DBI, UFLA

Sanzio C.L. Barrios - Pesquisador Embrapa Gado de Corte, Campo Grande MS

Cacilda B. do Valle - Pesquisadora Embrapa Gado de Corte, Campo Grande MS

Vânia Helena Techio - Orientadora DBI, UFLA - Orientador(a)

Resumo

O gênero *Urochloa*, pertencente à família Poaceae, reúne aproximadamente 135 espécies, entre elas plantas com grande importância econômica. No Brasil, o cultivo destas espécies como plantas forrageiras tem destaque por sua extensa utilização na agropecuária, principalmente por sua alta adaptabilidade em regiões tropicais. Neste gênero, existem diversas espécies com diferentes características em relação à sua capacidade de adaptação ao ambiente de cultivo, apresentando aspectos de maior interesse econômico a serem explorados no melhoramento genético. Dessa forma, é importante conhecer a variabilidade para facilitar o manuseio das espécies. Assim, as análises citogenéticas são de grande importância por nos fornecerem informações detalhadas sobre o cariótipo e genoma de espécies, para fins de estudos evolutivos, taxonômicos e como ferramenta para a avaliação de genótipos que são incluídos em programas de melhoramento genético. Com essa perspectiva, o presente trabalho teve como objetivo realizar contagens cromossômicas de acessos de *Urochloa dictyoneura* (DT150, DT154, DT155). Para isso, pontas de raízes foram coletadas e pré-tratadas com ciclohexamida 12,5 mg L⁻¹ + APM 4µl + DMSO (0,5%), fixadas em Carnoy. Após a digestão da parede celular em um mix enzimático, os meristemas foram excisados e as lâminas foram preparadas por meio da técnica de dissociação celular e secagem ao ar. Os três acessos apresentaram 54 cromossomos. Com base em uma análise anterior de acessos da mesma espécie na qual foi relatado um novo número cromossômico básico para o gênero ($x = 6$), os acessos do estudo foram considerados nonaploides ($2n = 9x = 54$). Contudo são necessárias investigações mais apuradas desta condição, como análises meióticas e moleculares que evidenciem a participação dos genomas envolvidos.

Palavras-Chave: forrageiras, *Brachiaria*, citogenética.

Instituição de Fomento: Universidade Federal de Lavras (UFLA)

Link do pitch: <https://youtu.be/bVXK8r29eIk>