

Ciências Biológicas

Obtenção de C-metáfases para aplicações em cariotipagem molecular de *Urochloa humidicola* (Rendle) Morrone & Zuloaga e *Urochloa dictyoneura* (Fig. & De Not.) Stapf.

RAFAEL PENHA BRITO - 8º módulo de Ciências Biológicas, UFLA, iniciação científica remunerada.

Bruna Natália Veloso dos Santos - Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas, Laboratório de Citogenética Vegetal do Departamento de Biologia, UFLA

Dr. Sanzio Carvalho de Lima Barrios - Pesquisador da EMBRAPA Gado de Corte em Campo Grande - MS

Dra. Cacilda Borges do Valle - Pesquisadora da EMBRAPA Gado de Corte em Campo Grande - MS

Profa. Dra. Vânia Helena Techio - Orientadora – Professora associada do Departamento de Biologia, UFLA - Orientador(a)

Resumo

O gênero *Urochloa* comporta as principais espécies utilizadas na forragicultura nacional. O complexo 'humidicola' é composto por *Urochloa humidicola* e *Urochloa dictyoneura*, sendo ambas importantes devido à resistência a solos ácidos, secos e mal drenados. No entanto, distingui-las taxonomicamente por meio de caracteres morfológicos têm sido um desafio, a ponto de serem tratadas como sinonímias. A citogenética é uma alternativa para auxiliar na distinção entre elas baseada na cariotipagem comparativa. O objetivo desse estudo foi a obtenção de preparações cromossômicas com boa resolução visando a aplicação de técnicas citomoleculares nos acessos de *U. humidicola* (H016 e H031) e *U. dictyoneura* (Dt150 e Dt159). As raízes foram coletadas e pré-tratadas com solução de ciclohexamida e amiprofos-methyl (APM) (2:1), por 2h 10 min a 2h 15 min. Após esse tratamento, foram fixadas em metanol e ácido acético (3:1) e armazenadas em álcool 90%. Para a confecção das lâminas, as raízes foram lavadas e imersas em solução tampão citrato fosfato pH 4,8 por 5 min. Os meristemas foram excisados e submetidos à digestão enzimática por 1 h e 38 min, a 38°C em banho maria. As lâminas foram preparadas utilizando a técnica de dissociação celular e secagem ao ar e avaliadas em microscopia de luz. Uma pré-análise da abundância e qualidade das C-metáfases com o intuito de selecionar cromossomos íntegros, sem sobreposição e debris citoplasmáticos para cariotipagem citomolecular foi realizada. A combinação da ciclohexamida com APM, forneceu resultados satisfatórios quanto à qualidade das C-metáfases obtidas. Isso resultou em cromossomos condensados, espalhados e com morfologia bem definida. O mix de enzimas composto por "Onozuka R10" (0,7%), celulase Sigma-Aldrich (0,7%), pectoliase Sigma-Aldrich (1%) e citohelicase Sigma-Aldrich (1%) promoveu a digestão completa da parede celular e auxiliou na remoção dos debris. Para todos os acessos avaliados, foram obtidas lâminas de alta qualidade para a aplicação das técnicas moleculares. As C-metáfases analisadas confirmaram $2n=6x=36$ cromossomos para H016, $2n=6x=36+1$ para H031, $2n=9x=54$ para Dt150 e $2n = 4x = 24$ cromossomos para Dt159. Desse modo, reiteramos a importância na obtenção de preparações cromossômicas de alta qualidade para obtenção de resultados confiáveis nos estudos de citogenética clássica e molecular.

Palavras-Chave: Brachiaria, Cromossomo, FISH.

Instituição de Fomento: Fapemig

Link do pitch: <https://youtu.be/YoVCKTvD6R8>