Ciências Biológicas

Número cromossômico e nível de ploidia de híbridos de Cynodon Rich. (Poaceae)

Juliana de Oliveira Silva - 7° período de Ciências Biológicas, UFLA. Iniciação científica/ UFLA.

Giovanna Angeli Belo - Coorientadora, Doutoranda do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, UFLA.

Mariana Alejandra Baez - Pesquisadora da University of Bonn – Alemanha.

Flávio Rodrigo Gandolfi Benites - Pesquisador da Embrapa Gado e Leite – Juiz de Fora MG.

Giovana Augusta Torres - Professora Titular do Departamento de Biologia, UFLA.

Vânia Helena Techio - Professora associada do Departamento de Biologia, UFLA - vhtechio@ufla.br. Orientadora. - Orientador(a)

Resumo

Espécies do gênero Cynodon (x=9) são amplamente exploradas em gramados ornamentais e em pastagens. Hibridações intra e interespecíficas têm sido empregadas em programas de melhoramento genético para a obtenção de forrageiras mais produtivas e adaptadas a diferentes condições edafoclimáticas. Inicialmente, os híbridos são selecionados com base em suas características fenotípicas e carecem de informações genéticas, como número cromossômico e nível de ploidia. A cariotipagem é uma das formas de identificação citogenética mais utilizada para caracterizar genótipos/espécies. Desta forma, este trabalho objetivou confirmar o nível de ploidia, por meio de contagens cromossômicas e tamanho do genoma de seis genótipos de Cynodon sp., obtidos a partir do cruzamento interpopulacional entre famílias de meios-irmãos. A quantificação do DNA nuclear foi realizada através de citometria de fluxo, utilizando folhas jovens (20-30 mg) dos genótipos de Cynodon e da planta padrão (Pisum sativum L., 2C = 9,09 pg), e o conteúdo de DNA foi estimado em picogramas (pg). Para as contagens cromossômicas, as pontas de raízes foram coletadas, pré-tratadas com ciclohexamida (0,0025%) por 2h e 10 minutos e fixadas em Carnoy (álcool etílico: ácido acético, 3:1). Em seguida, os meristemas foram submetidos à digestão enzimática (10µL de celulase/pectinase 4:2 + 5µL de pectoliase 5% + 5µL de citohelicase 5%), e as lâminas foram preparadas pela técnica de dissociação celular e secagem ao ar. As preparações cromossômicas foram contrastadas com DAPI e analisadas em microscópio de epifluorescência. Com base nas contagens cromossômicas, cinco genótipos foram identificados como tetraploides (2n=4x=36) e um como diploide (2n=2x=18). Apenas o diploide diferiu estatisticamente dos demais para o tamanho do genoma, de acordo com o teste de Tukey ($p<0,05$), apresentando 1,42 pg. Os tetraploides apresentaram variação entre 2,14 a 2,22pg, sem diferenças estatísticas entre eles. Apesar das contagens cromossômicas e tamanho do genoma confirmarem os níveis de ploidia dos seis genótipos, em algumas células foram observadas variações no número cromossômico que podem ser decorrentes de quebras, aneuploidias, ou cromossomos B, eventos que são recorrentes em gramíneas, sobretudo quando envolve hibridações e poliploidias. Desta forma, novas investigação empregando técnicas moleculares, como a FISH, poderão auxiliar para melhor caracterização dos cariótipos.

Palavras-Chave: Citometria de Fluxo, Contagem cromossômica, Hibridação.
Instituição de Fomento: CNPq

Link do pitch: https://youtu.be/dd_1xL4fhAQ