

Ciências Biológicas

## **Uso da Citogenética Molecular para Desvendar a Diversidade Genética em Acessos de *Urochloa humidicola***

RAFAEL PENHA BRITO - 9º período de Ciências Biológicas (Licenciatura), UFLA. Iniciação científica em pesquisa remunerada.

Dra. Bruna Natália Veloso dos Santos - Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas - Universidade Federal de Lavras (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 - Professora associada, Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras (UFLA). - Orientador(a)

### **Resumo**

As gramíneas do gênero *Urochloa* P. Beauv. são amplamente utilizadas na forragicultura, destacando-se por sua adaptabilidade e resistência a solos mal drenados, secos e ácidos. A diversidade de espécies e acessos dentro do gênero é alta. No entanto, a identificação visual se torna complexa devido às características morfológicas semelhantes. Nesse contexto, a citogenética molecular pode auxiliar na caracterização e discriminação de espécies e acessos. O objetivo deste trabalho foi identificar o número e posição das sequências Uhum-spec 1 (satDNA) e rDNA 18S em cromossomos de dois acessos, H016 ( $2n=6x=36$ ) e H031 ( $2n=6x=36+1$ ), de *Urochloa humidicola*, por meio da hibridização in situ fluorescente (FISH). As raízes foram coletadas e tratadas com ciclohexamida por 2h, fixadas em Carnoy (3 álcool metílico:1 ácido acético) e armazenadas em álcool 90%. Para a confecção das lâminas, os meristemas foram excisados e submetidos à digestão da parede celular em um mix enzimático ("Onozuka R10" (0,7%), celulase (0,7%), pectoliase (1%) e citohelicase (1%) por 1h e 38 min., a 38°C. As lâminas foram preparadas com a técnica de dissociação celular e secagem ao ar para posterior aplicação da FISH. A marcação da sonda foi realizada via PCR utilizando as sequências Uhum-spec 1 e rDNA 18S, este último utilizado como padrão positivo da FISH e para identificação da posição do sítio ribossomal 35S. Para a detecção das sondas, foram usados os anticorpos anti-dig e anti-bio, por 1 hora, a 37 °C, em câmara úmida, seguido de lavagem em série alcoólica. As lâminas foram contrastadas com Vectashield/DAPI e avaliadas em microscópio de fluorescência. As imagens foram capturadas e processadas com auxílio do software Photoshop. No acesso H016 ( $2n=6x=36$ ), foram detectadas marcações da sequência Uhum-spec 1 em 16 cromossomos, sendo um único cromossomo acompanhado de sinal de rDNA 18S, e um cromossomo com marcação duplo terminal. No acesso H031, foram observados sete cromossomos com sinais terminais e dois com marcação duplo terminal. A sonda rDNA 18S, marcou quatro e cinco cromossomos nas regiões terminais dos acessos H016 e H031, respectivamente. Ambas as sequências avaliadas evidenciaram polimorfismos em número e posição nos sinais da FISH entre os cromossomos dos acessos H016 e H031 de *U. humidicola*, ratificando a proposta de se tratar de acessos poliploides diferentes, já ressaltada em estudo anterior que identificou o acesso H031 como aneuploide com provável origem híbrida.

Palavras-Chave: Brachiaria, Cromossomo, FISH.

Instituição de Fomento: Fapemig

Link do pitch: <https://youtu.be/yFPfdA8IHdw>

Sessão: 3

Número pôster: 80

Identificador deste resumo: 3566-18-3728

novembro de 2024