

Ciências Biológicas

**Localização in situ de sequência de DNA satélite em três espécies do clado Brizantha de Urochloa P. Beauv. (Poaceae)**

Giulya Karoline Corrêa Pila - 8º módulo de Ciências Biológicas (bacharelado), UFLA.

Nathália Gomide Zanetti Bonetti - Co-orientadora - Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas, Laboratório de Citogenética Vegetal do Departamento de Biologia, UFLA. Bolsista CNPq.

Dr. Sanzio Carvalho 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 IV do Departamento de Biologia, UFLA. - Orientador(a)

**Resumo**

As plantas do clado Brizantha, *Urochloa brizantha* (Hoschst. ex A. Rich) R.D. Webster, *Urochloa decumbens* (Stapf) R.D. Webster e *Urochloa ruziziensis* (R. Germ. & C.M. Evrard), são gramíneas conhecidas pelo seu potencial forrageiro, sendo amplamente utilizadas pela capacidade de rebrota após pastejo intenso e tolerância a estresses ambientais, como seca e fogo. *U. ruziziensis* é diploide ( $2n=2x=18$ ) com genoma B2B2, enquanto *U. brizantha* e *U. decumbens* apresentam citótipos 2x, 4x, 5x e 6x. Os acessos tetraploides ( $2n=4x=36$ ) de *U. brizantha* e *U. decumbens* apresentam genomas BBB1'B1' e B1'B1'B2B2, respectivamente, e a caracterização desses subgenomas pode ser investigada com técnicas citomoleculares, como a hibridização in situ fluorescente (FISH), amplamente usada para caracterização da fração repetitiva do DNA. Essas análises contribuem para aprimorar estudos de cariotipagem e permitem inferir relações filogenéticas entre as espécies. Desse modo, o objetivo deste trabalho foi localizar, por meio da FISH, a sequência de DNA satélite UroSat-1e nos acessos tetraploides de *U. brizantha* e *U. decumbens* e na diploide *U. ruziziensis*. Raízes foram coletadas, pré-tratadas com ciclohexamida por 2h, fixadas em Carnoy (3 etanol:1 ácido acético) e armazenadas em freezer até momento de uso. As regiões meristemáticas foram excisadas e submetidas à digestão enzimática com mix contendo celulase "Onozuka R10" (0,7%), celulase Sigma-Aldrich (0,7%), pectoliase Sigma-Aldrich (1%) e citohelicase Sigma-Aldrich (1%) por 1h e 30 min, a 37°C. As lâminas foram preparadas pela técnica de dissociação celular e secagem ao ar. Para aplicação da FISH, a sonda UroSat-1e foi marcada com biotina-16-dUTP via PCR. Como resultado, foram observados sinais centroméricos da sonda UroSat-1e em todos os cromossomos das três espécies avaliadas, sugerindo se tratar de uma sequência conservada e um marcador citogenético nesse clado. Para fazer a distinção dos cromossomos e subgenomas dos poliploides será necessário empregar outras sequências de DNA satélite na FISH que permitam tal diferenciação, com o intuito de aprofundar os conhecimentos sobre a origem e composição dos genomas destas espécies.

Palavras-Chave: Brachiaria, citogenética, aloploiploides.

Instituição de Fomento: CAPES, CNPq e FAPEMIG

Link do pitch: <https://youtu.be/jqBbWgvk3oM>