

Ciências Biológicas

Estudo cariotípico em acessos do gênero *Cynodon* Rich. (Poaceae)

Ana Luisa Arantes Chaves - Graduada em Ciências Biológicas, bolsista PIBIC/CNPq, Universidade Federal de Lavras, Lavras-MG

Raquel Bezerra Chiavegatto - Doutoranda pelo Programa de Botânica Aplicada, Universidade Federal de Lavras, Lavras-MG

Cristina Maria Pinto Paula - Pós-doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Lavras, Lavras-MG

Flávio Rodrigues Gandolfi Benites - Pesquisador Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora-MG

Vânia Helena Techio - Professora adjunta do Departamento de Biologia – UFLA, Lavras-MG - Orientador(a)

Resumo

Cynodon é constituído por espécies rasteiras de regiões tropicais e subtropicais. Devido ao seu polimorfismo, a taxonomia do gênero ainda não foi definitivamente estabelecida. A fim de auxiliar na discriminação de espécies, a citotaxonomia pode contribuir com a caracterização do número, tamanho e morfologia cromossômica. O objetivo deste trabalho foi comparar o índice de assimetria cariotípica de oito acessos provenientes do banco de germoplasma do United States Department of Agriculture e da Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora-MG: *Cynodon dactylon* var. *dactylon* (PI291151-20); *Cynodon transvaalensis* (PI289923-09); *Cynodon dactylon* var. *polevansii* (PI289750-10); *Cynodon incompletus* var. *hirsutus* (PI29175301PL15); *Cynodon* sp (PI291755-24; PI224148-28; PI224147-13); e *Cynodon nlemfuensis* (ERX-7). As raízes foram pré-tratadas com ciclohexamida 0.025% por 2 horas e fixadas em Carnoy. A digestão foi realizada com mix enzimático, a 37°C, por 1 hora. As lâminas foram preparadas com técnica de secagem a chama e coradas em Giemsa 5%. Os dados morfométricos foram obtidos em dez metáfases/acesso empregando o programa MicroMeasure 3.3 e os cariogramas foram construídos com Adobe Photoshop. A classificação morfológica dos cromossomos foi baseada na proposta de Levan et al. (1964). O número básico de $x=9$ corrobora a descrição para o gênero, no qual *Cynodon nlemfuensis* e *Cynodon incompletus* var. *hirsutus* apresentaram $2n=2x=18$. *Cynodon* sp (PI291755-24) apresentou $2n=3x=27$. *Cynodon dactylon* var. *dactylon*, *Cynodon transvaalensis* e *Cynodon* sp. (PI224148-28; PI224147-13) apresentaram $2n=4x=36$. *Cynodon dactylon* var. *polevansii* apresentou $2n=5x=45$. Baseado em três critérios de assimetria, *Cynodon incompletus* var. *hirsutus* possuiu o cariótipo mais assimétrico com cromossomos classificados como submetacêntricos. Os demais acessos apresentaram apenas cromossomos metacêntricos e *Cynodon nlemfuensis* exibiu o cariótipo mais simétrico. A variabilidade cariotípica pode ser utilizada na compreensão dos mecanismos de evolução cromossômica, em que a assimetria pode ser ocasionada por rearranjos cromossômicos. As análises demonstraram que, apesar da variação no nível de ploidia, os cariótipos dos acessos são semelhantes em relação à morfologia, com exceção de *Cynodon incompletus* var. *hirsutus*. Os resultados obtidos contribuíram para a caracterização do germoplasma e para gerar informações importantes a respeito da determinação do grau de proximidade entre os acessos de *Cynodon*.

Palavras-Chave: assimetria cariotípica, citotaxonomia, evolução cromossômica.

Instituição de Fomento: Capes, CNPq e Fapemig