

Ciências Biológicas

**Variação no número e posição de bandas CMA e DAPI em acessos de *Cynodon dactylon* (L). Pers var. *dactylon* (Poaceae)**

Ana Luisa Arantes Chaves - Graduanda em Ciências Biológicas, 7º período, bolsista PIBIC/CNPq, Universidade Federal de Lavras, Lavras-MG.

Raquel Bezerra Chiavegatto - Doutoranda pelo Programa de Botânica Aplicada, 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**

Em *Cynodon* Rich. observa-se alta variabilidade morfológica e genética, além da ocorrência de citótipos, o que resulta em um amplo número de sinônimas e variedades. *Cynodon dactylon* é considerada a espécie mais importante do gênero devido às suas características forrageiras favoráveis e seus variantes morfológicos. A fim de auxiliar na discriminação das espécies e citótipos e compreender os fatores envolvidos com a diversidade taxonômica do gênero, a citotaxonomia pode contribuir para caracterizar o complemento cromossômico, além de auxiliar na determinação das relações filogenéticas e evolutivas. O objetivo deste trabalho foi comparar o padrão de bandas CMA e DAPI em três acessos de *Cynodon dactylon* var. *dactylon*, sendo um deles da raça Selêucida (PI 477004-26, PI 291721-22 e Selêucida-2), provenientes do banco de germoplasma do United States Department of Agriculture e da Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora-MG. As raízes foram pré-tratadas com ciclohexamida 0,025% por 2 horas e fixadas em Carnoy (3:1). A digestão foi realizada com mix enzimático a 37°C, por 1 hora e 30 minutos. As lâminas foram preparadas com técnica de secagem a chama e expostas a dupla marcação com CMA e DAPI. Foram avaliadas dez metáfases por acesso. Os números cromossômicos corroboram o número básico descrito para o gênero de  $x=9$ . Em *Cynodon dactylon* var. *dactylon* (PI 477004-26),  $2n=3x=27$ , foram observados quatro tipos cromossômicos: i) um cromossomo com uma banda CMA+ pericentromérica e duas bandas DAPI+ terminais; ii) nove cromossomos com duas bandas DAPI+ terminais; iii) 16 cromossomos com uma banda DAPI+ localizada terminalmente; iv) um cromossomo sem marcação. Nas metáfases do acesso C. *dactylon* var. *dactylon* (PI 291721-22),  $2n=4x=36$ , foram evidenciados quatro cromossomos com bandas CMA+ pericentroméricas e dezesseis cromossomos com uma banda DAPI+ terminal. O acesso da raça selêucida exibiu bandas CMA+ terminais conspicuamente localizadas em três cromossomos e uma banda DAPI+ terminal em 14 cromossomos. Nos três acessos avaliados, cromossomos com uma banda DAPI+ terminal foram observados em maior número e, portanto, podem ser considerados menos informativos para a caracterização cariotípica. Há diferenças no padrão de bandamento entre os três acessos de C. *dactylon* var. *dactylon*, que podem estar relacionadas aos processos de seleção e hibridação.

Palavras-Chave: citótipo, poliploidia, bandamento cromossômico.

Instituição de Fomento: Capes, CNPq e Fapemig