

Análise citogenética de genótipos promissores do programa de melhoramento genético de *Paspalum L.*

Nicolle Vieira Santos Costa¹; Maria Luiza Melaré Gomes²; Francisco Sassi³; Marcelo de Bello Cioffi⁴; Alessandra Pereira Fávero⁵;

¹Aluna de graduação em Bacharelado em Biotecnologia, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, SP. Bolsista PIBIC/CNPq, Embrapa Instrumentação, São Carlos, SP; nicolle@estudante.ufscar.br.

²Aluna de graduação em Bacharelado em Biotecnologia, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, SP.

³Aluno de doutorado em Genética Evolutiva e Biologia Molecular, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, SP.

⁴Professor do Departamento de Genética e Evolução, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, SP.

⁵Pesquisadora da Embrapa Instrumentação, São Carlos, SP.

O gênero *Paspalum L.* (Poaceae) é formado por cerca de 330 espécies, sendo muitas dessas caracterizadas por alto potencial forrageiro no Brasil. Alguns genótipos foram selecionados dentro do programa de melhoramento genético principalmente para seu uso em áreas mal drenadas ou em integração lavoura-pecuária-floresta. A caracterização quanto ao número de cromossomos faz-se fundamental para o avanço do uso desses materiais, sendo, portanto, o objetivo de o presente estudo caracterizar o número de cromossomos e o comportamento meiótico de acessos de *Paspalum L.* As inflorescências ainda imaturas e dentro do cartucho foram coletadas e fixadas em solução de Carnoy por 24hrs, seguido de armazenamento em álcool 70% a 10°C até o uso. Para o preparo das amostras, as anteras foram removidas com o uso de microscópio estereoscópio e pinças e transferidas para lâminas onde foram maceradas em ácido acético 45% e pressionadas com uma lamínula para análise por microscopia de contraste fase. Para remoção da lamínula foram utilizadas duas abordagens distintas a depender dos materiais disponíveis e condição da amostra: I) submersa em ácido acético 100% por 24 horas, II) imersão em nitrogênio líquido e deixada para secar por 2h. A primeira abordagem de remoção foi utilizada com os primeiros materiais, após facilitar o acesso ao nitrogênio líquido, padronizou-se a segunda abordagem. Em seguida, foram coradas com 20µl de DAPI a 1,5 µg.ml⁻¹, 30 minutos armazenados na geladeira para estabilização do marcador e análise no microscópio com o uso do programa Isis Fluorescence Imaging System. Foram analisados sete acessos: BGP 149 (*P. lenticulare* Kunth.), BGP 210 (*P. maritimum*), BGP 289 (*P. malacophyllum* Trin.), BGP 337 (*P. paniculatum*), BGP 401 (*P. conjugatum*), BGP 436 (*P. dilatatum* Poir.) e BGP 486 (*P. malacophyllum* Trin.), e todos foram considerados tetraploides, 2n = 40. A análise do comportamento meiótico identificou irregularidades em algumas células, contudo, todos os acessos apresentaram prevalência na formação de 20 bivalentes com meiose regular. Dado que os acessos foram considerados tetraploides, esses podem ser utilizados dentro do programa de melhoramento como genitores em cruzamentos com outros materiais de mesma ploidia ou de ploidia distinta no intuito de produção de apomíticos de interesse para uso em áreas mal drenadas ou na integração lavoura-pecuária-floresta.

Apoio financeiro: Embrapa

Área: Ciências Biológicas

Palavras-chave: meiose, gramíneas, caracterização, citogenética

Número Cadastro SisGen: A32857