

SP  
4948  
P.158

4948  
P.158

702.A.



## Estudo da eliminação cromossômica em híbridos de capim-elefante e milheto (*Pennisetum* sp. Schum., Poaceae) através da hibridização *in situ* genômica

Reis, GB<sup>1</sup>; Andrade-Vieira, LF<sup>1</sup>; Davide, LC<sup>1</sup>; Torres, GA<sup>1</sup>; Oliveira, AR<sup>2</sup>; Brasileiro-Vidal, AC<sup>2</sup>; Pereira, AV<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Laboratório de Citogenética, Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras

<sup>2</sup> Laboratório de Genética e Biotecnologia Vegetal, Departamento de Genética, Centro de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Pernambuco

<sup>3</sup> Laboratório de Genética Vegetal, Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG  
larissa\_lavras@yahoo.com.br

**Palavras-chave:** *Pennisetum*, comportamento genômico, eliminação cromossômica, hibridização *in situ*, mixoploidia

O capim-elefante (*P. purpureum*) e o milheto (*P. glaucum*) destacam-se por sua importância econômica como forrageiras de elevado potencial de produção, sendo cultivadas nas regiões tropicais do planeta e empregadas na obtenção de híbridos interespecíficos em programas de melhoramento genético. No entanto, o maior problema em relação a utilização dos híbridos é a esterilidade causada por sua condição triploide ( $2n = 3x = 21$  cromossomos). Logo, tem-se procurado restaurar a fertilidade do híbrido interespecífico por meio da duplicação cromossômica. Alguns protocolos de indução de poliploidia mostraram-se eficientes, produzindo plantas hexaplóides, no entanto, freqüentemente são observadas plantas mixoplóides com células contendo número cromossômico variando de 14 a 42. Dessa forma, o objetivo do trabalho foi estudar a eliminação cromossômica em híbridos de capim-elefante e milheto submetidos a duplicação cromossômica, utilizando como ferramenta a hibridização *in situ* genômica (GISH), a fim de identificar se há eliminação preferencial de cromossomos de um dos parentais após indução de poliploidia. A GISH foi realizada em metáfases dos híbridos, as quais foram desnaturadas com formamida 70% a 85°C por 1,5 minutos. A sonda do DNA genômico de milheto foi marcada com biotina, desnaturada a 75°C por 10 minutos e detectada com avidina-Fluoresceína. As metáfases foram contra-coradas com DAPI e avaliadas em microscópio epifluorescente nos comprimentos de onda de excitação/emissão de 358/461 (DAPI) e 490/525 (Fluoresceína). Foi observada grande variação cromossômica entre e dentre as células somáticas dos híbridos analisados. Para dois híbridos (Paraíso e H-89) foi encontrada maior freqüência de células com 38 cromossomos, sendo 12 cromossomos de milheto e 26 de capim-elefante. Já nos híbridos H40 e H42 a maioria das células apresentou 28 cromossomos (10 de milheto e 18 de capim-elefante). A eliminação cromossômica é casual, podendo ser encontradas as mais diversas combinações cromossômicas entre os híbridos em questão. Ademais, alguns híbridos tendem a se estabilizar com 28 cromossomos, enquanto outros tendem a perder menos cromossomos, se estabilizando com número cromossômico próximo a 42. Este trabalho representa o primeiro estudo realizado a respeito da identificação dos cromossomos parentais eliminados nos híbridos mixoplóides resultantes do cruzamento de capim-elefante e milheto, seguido de indução de duplicação cromossômica. Apoio financeiro: Fapemig e CNPq