

Avaliação de genótipos de *Paspalum notatum* através de citometria de fluxo

Vitória Rodrigues¹, Carine Simioni²

¹ Aluna de graduação de Zootecnia. Faculdade de Agronomia – UFRGS

² Professora Adjunta. Faculdade de Agronomia - UFRGS

Introdução

O bioma Pampa vem sofrendo forte degradação, perdendo área para agricultura e silvicultura. Atualmente, faltam estudos que ajudem na conservação deste importante ecossistema. É de suma relevância o desenvolvimento e uso de tecnologias que possam auxiliar no desenvolvimento de sementes e mudas de espécies nativas, como é o caso do *Paspalum notatum*, popularmente conhecida como grama-forquilha, que ocorre naturalmente em todo o bioma Pampa. Uma de suas características é a de possuir rizomas supraterrâneos, tendo assim uma estrutura de reserva, tornando a espécie tolerante à excessiva pressão de pastejo, além de apresentar alta qualidade forrageira. Coletas em diferentes regiões do bioma Pampa foram realizadas para compor um banco de germoplasma sobre o qual serão desenvolvidos estudos com a finalidade de suprir a necessidade de sementes e mudas da espécie.

Objetivo

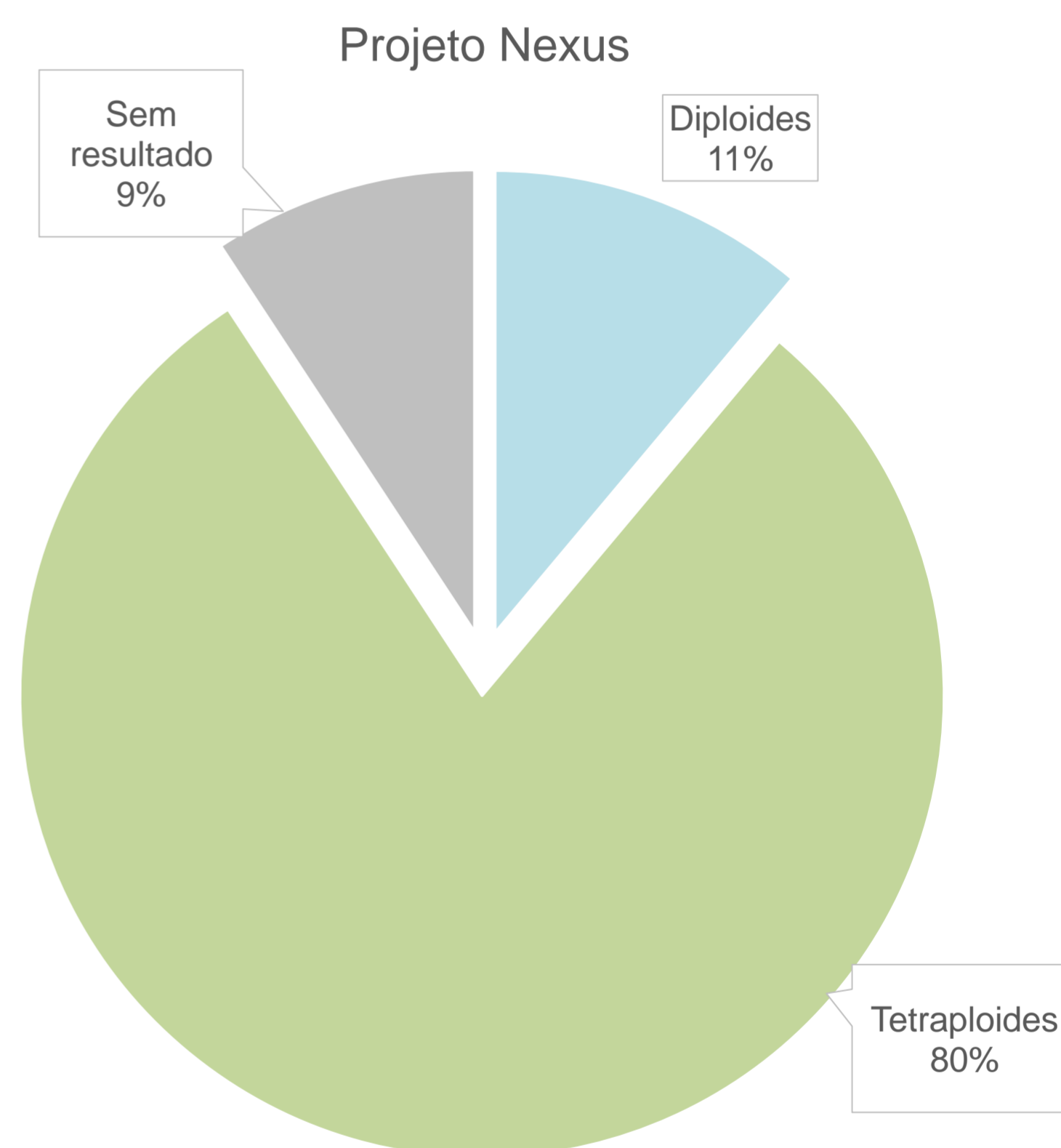
Comprovar quais as plantas coletadas são do ecótipo nativo da espécie, que são tetraploides.

Metodologia

Amostras do ecótipo “Bagual” da espécie foram coletadas em regiões do bioma Pampa, no estado do Rio Grande do Sul, durante o período estival de 2018. Após foram feitas análises dos genótipos coletados através da técnica da citometria de fluxo, que mede a quantidade de DNA e infere sobre o nível de ploidia. Para extração do DNA, é utilizado 1 mL do tampão LB01, macerando cerca de 1 cm de folha do indivíduo, que passa por membrana filtrante e é então transferido para tubos de ensaio. Antes de proceder à análise no citômetro de fluxo, é adicionado 60 µL de iodeto de propídeo, substância que faz com que a fluorescência gerada nos gráficos seja proporcional ao conteúdo de DNA das amostras. No aparelho, o líquido contendo os núcleos intactos é ‘sugado’ por um capilar, deixando passar apenas um núcleo por vez. Todas as amostras coletadas foram analisadas para determinação da quantidade de DNA e aferição da ploidia.

Resultados e discussão

Todos os genótipos coletados foram analisados, num total de 162 amostras. A maioria confirmou nível de ploidia tetraploide (129 plantas); alguns genótipos são diploides (18 plantas) e 15 plantas apresentaram resultados imprecisos, necessitando serem reavaliadas.



Conclusão

A metodologia aqui apresentada para confirmação de nível de ploidia foi eficiente, pois as análises realizadas permitiram confirmar que a maioria dos genótipos coletados são plantas nativas da espécie. Dessa forma, será possível dar continuidade a proposta apresentada no projeto de recuperação do bioma Pampa.