

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

Vitória Rodrigues<sup>1</sup>, Carine Simioni<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Aluna de graduação de Zootecnia. Faculdade de Agronomia – UFRGS

<sup>2</sup> 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

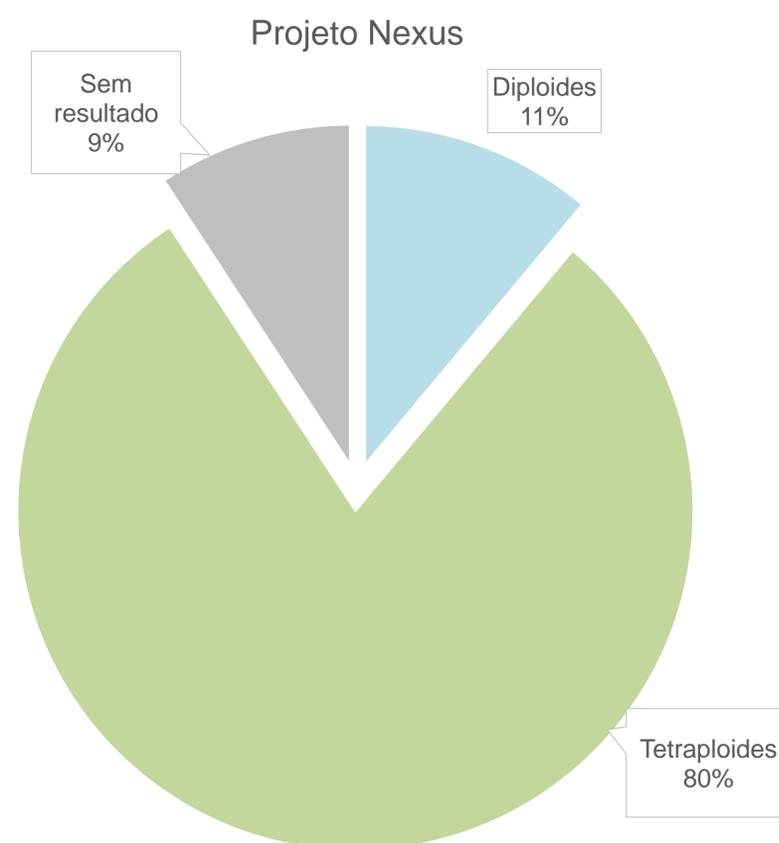
Comprovar quais as plantas coletadas são do ecótipo nativo da espécie, que são tetraploides.

### Metodologia

Amostras do ecótipo “Bagual” da espécie foram coletados 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.