

Análises citogenéticas em espécies, cultivares e híbridos do gênero *Citrus*

Moreira, R.C.T.¹; Souza, M.M.¹; Melo, C.A.F.¹; Gesteira, A.S.²;
Silva, G.S.¹

Abstract/Resumo

O gênero *Citrus* L. é composto de grande variedade de cultivares e híbridos que em campo podem apresentar características fenotípicas semelhantes, inclusive, entre cultivares poliploides e diploides. O objetivo deste trabalho foi caracterizar cariotipicamente cultivares e híbridos do gênero *Citrus* através do bandamento CMA₃/DAPI, da localização *in situ* de sequências repetitivas. Foram analisadas as espécies *C. limon* (L.) Burm. F., *C. sunki* Hort. ex Tanaka, *C. volkameriana* V. Tem & Pasq., *C. latifolia* Yu. Tanaka (IAC-05), assim como os híbridos Thaiti-03 e Thaiti-08. O número cromossômico diplóide $2n = 18$ foi observado nas espécies *C. limon*, *C. sunki*, *C. volkameriana* e também no híbrido Thaiti-08. No híbrido Thaiti-03, foi identificado $2n = 3x = 27$, como também a espécie *C. latifolia* (IAC-5), triploide ($2n=3x= 27$), corroborando com análises divulgadas da cultivar. O bandamento CMA₃⁺/DAPI realizado em *C. volkameriana* revelou nove cromossomos com um bloco terminal e um cromossomo com dois blocos, bem como um terminal e um pericentromérico. As espécies *C. limon* e *C. sunki*, apresentaram nove cromossomos com um bloco terminal e um cromossomo com dois blocos CMA₃⁺/DAPI terminais. Em *C. latifolia* foram observados treze cromossomos com blocos terminais e um cromossomo com dois blocos terminais. A análise molecular de alguns dos genótipos por Híbridação *in situ* Fluorescente (FISH), demonstrou em *C. sunki*, duas marcas dos sítios 45S e 5S localizadas próximas no mesmo par cromossômico. A espécie *C. limon* apresentou duas marcas dos sítios 45S e 5S, em que um dos cromossomos apresenta os dois sítios. Na cultivar, triploide, *C. latifolia* (IAC-05), foram identificados seis sítios 45S e dois sítios 5S. Foram utilizadas sequência para DNA repetitivo de *Citrus* obtidas do NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) para o desenho de primers no Primer 3 Plus e posterior localização *in situ*. A hibridação das sequências repetidas não expressas revelou que os as duas sequências investigadas estão co-localizadas no genoma das espécies e híbridos analisados com ao menos quinze sítios para as sondas satélites em *C. latifolia* e oito sítios em *C. limon*. O DNA repetitivo não expresso pode ser utilizado como excelente marcador citológico para ploidia e compatibilização cromossômica no melhoramento de *Citrus*.

Agradecimentos: UESC, EMBRAPA e CAPES.

Keyword/Palavras-chave: Citogenética; Bandamento; FISH

¹ Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Santa Cruz, Ilhéus-Bahia - rikaliu@hotmail.com

² Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA – Cruz das Almas-BA