

Caracterização citogenética clássica e molecular em acessos *Cucumis melo* L.

Santos-Sanchês, R.C.V.¹; Souza, M.M.¹; Melo, C.A.F.¹;
Nunes, G.H.S.²; Corrêa, R.X.¹

Abstract/Resumo

Cucumis melo L. (melão) é uma espécie originária da Península Ibérica pertencente à família Cucurbitaceae. Destaca-se como fonte alimentícia e tem grande importância econômica no Brasil, sendo uma das mais importantes culturas nordestinas onde 98,36% da produção nacional se concentra no estado do Rio Grande do Norte. O presente trabalho objetivou a caracterização e avaliação da diversidade cariotípica em oito acessos de *C. Melo* com características vegetativas e reprodutiva diferentes que compõem o banco de germoplasma da UFERSA através das técnicas de coloração de Giemsa 3%, fluorocromos CMA3 e DAPI e a localização de sequências de DNA ribossomal 45S e 5S pela hibridização in situ fluorescente. As primeiras radículas observadas após a germinação foram coletadas e colocadas em à solução 2mM 8-hidroxiquinolina por 120 minutos e fixadas em solução Carnoy (etanol:ácido acético [3:1]). As preparações citológicas foram realizadas por esmagamento do meristema radicular após digestão enzimática (celulase:pectinase [2%:20%]) e coradas com Giemsa 3%. A aplicação dos fluorocromos seguiu com a aplicação de CMA3 (60 minutos) e DAPI (30 minutos). A FISH foi realizada com a utilização de sondas para marcação das regiões de DNAr 45S e 5S. A contagem cromossômica e análise morfométrica revelaram o número cromossômico $2n = 24$ com pouca variação nos comprimentos absolutos e relativos entre eles. A dupla coloração com fluorocromos CMA3 e DAPI revelou bandas CMA3+/DAPI-, que permitiu a confirmação de 01 par satelitado, e em cada acesso marcação de todas os pares evidenciando as regiões ricas em GC variando entre elas no tamanho e brilho. A FISH com sondas para sítios de DNAr 45S revelou quatro sinais de hibridização enquanto que os sítios de DNA 5S revelou dois sinais de hibridização, ambos em todos os acessos aparecendo na parte terminal dos cromossomos. Com a identificação dos cromossomos individuais através da morfologia cromossômica e avaliação da ocorrência e distribuição das sequências repetitivas específicas de DNA poderá ser determinado o mapeamento físico e a possível ocorrência de polimorfismos intraespecíficos, o que poderá auxiliar em estudos relacionados à espécie.

AGRADECIMENTOS: UESC, Fapesb, CNPq e CAPES.

Keyword/Palavras-chave: Citogenética Molecular; CMA3/DAPI; FISH; Recurso Genético

1 Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Santa Cruz, Ilhéus-Bahia, ritabiologa@yahoo.com.br
2 Departamento de Ciências Vegetal, Universidade Federal Rural do Semiárido, Mossoró-Rio Grande do Norte.