



CARACTERIZAÇÃO CITOLÓGICA EM ACESSOS DE ALHO (*Allium sativum* L.)

BRUNA RODRIGUES DA SILVA¹; HELENICE SILVA GOMES²; REGINA LUCIA FERREIRA GOMES³; ANGELA CELIS DE ALMEIDA LOPES⁴; LIDIANE DE LIMA FEITOZA⁵

¹Estudante de Bacharelado em Ciências Biológicas, Universidade Federal do Piauí-PI, e-mail: brunarodrigues.bs@hotmail.com

²Estudante de Bacharelado em Ciências Biológicas, Universidade Federal do Piauí-PI, e-mail:heleniceavlis14@gmail.com

³Professora da Universidade Federal do Piauí-PI, Departamento de Fitotecnia, e-mail: rlfgomes@ufpi.edu.br

⁴Professora da Universidade Federal do Piauí-PI, Departamento de Biologia, e-mail: acalopes@ufpi.edu.br

⁵PNPD - Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Federal do Piauí-PI, CCA, e-mail: lidiane.feitoza@yahoo.com.br

Resumo: O alho (*Allium sativum* L.) é uma hortaliça difundida mundialmente devido à sua importância econômica e medicinal. O Brasil, apesar de ser um dos maiores produtores do mundo, detém pouco conhecimento da diversidade genética dos alhos comerciais e principalmente, daqueles conservados em Banco de Germoplasma. Diante disso, o objetivo do presente trabalho foi analisar o genoma de alguns acessos de *Allium sativum* L. (Cateto Mineiro 1 e 2, Cateto Roxo/PI e da cultivar BRS HOZAN - Embrapa), sob o ponto de vista citológico, através das técnicas de coloração com Giemsa e imunocoloração de histonas usando o anticorpo anti-H4K5ac, uma marca universal de regiões cromossômicas transcricionalmente ativas. Todos os acessos apresentaram número diplóide $2n=16$, fórmula cariotípica $6M+2SM$ e cromossomos com padrão de condensação uniforme variando de 6,77 a 17,79 μm . O anticorpo contra H4K5ac marcou todos os cromossomos uniformemente, exceto nos centrômeros, sugerindo um padrão de distribuição de sequências ativas similar àquele observado em plantas com cromossomos grandes e pouca heterocromatina, como é o caso do alho. Os resultados obtidos com uso dessas técnicas, em um número maior de acessos, permitirão entender melhor a diversidade citológica desse grupo e poderá auxiliar na conservação e manutenção dos recursos genéticos.

Palavras-chave: Giemsa; anti-H4K5ac; cromossomos; cromatina; diversidade genética