

Evidência do sítio de origem dos genes histona H3 e DNAr 5S em *Rhammatocerus brasiliensis* (Orthoptera-Acrididae)

Melo, A.S.^{1,2}; Cabral-de-Mello, D.C.³; Moura, R. C.^{1,2}

Abstract/Resumo

Em gafanhotos o mapeamento do gene de histona H3 e do DNAr 5S tem evidenciado, respectivamente, conservação de sítios em um par de cromossomos autossômicos e variação em um ou no máximo três pares cromossômicos. No entanto, em *Rhammatocerus brasiliensis* foi observada a co-localização dos sítios de DNAr 5S e histona H3 em dez dos onze pares autossômicos e nos cromossomos X e B. O objetivo deste trabalho foi identificar os cromossomos portadores dos sítios ancestrais dos genes de histona H3 e DNAr 5S em *R. brasiliensis* e entender a dinâmica de dispersão desses sítios no genoma da espécie. Espécimes de *R. brasiliensis* coletados em Pernambuco, Ceará, Paraíba e Piauí - NE, foram analisados através de hibridização *in situ* fluorescente com sondas de histona H3 (51 indivíduos) e DNAr 5S (nove indivíduos de 51 analisados). Os sítios de histona H3 apresentaram cinco padrões: no bivalente autossômico M7 (1); nos cromossomos M7 e B (2); nos bivalentes G1, M4 e M7 (3); em todos os cromossomos, exceto P11 e B (4); em todos os cromossomos e B (5). O mapeamento dos genes de DNAr 5S apresentou seis padrões evidenciando variabilidade quanto ao número e localização dos sítios, sendo: no bivalente autossômico G3 (1); G2, G3, M5 e P11 (2); G2, G3, M7 e P11 (3); nos bivalentes G2, G3, M5, M7 e P11 (4); em todos os cromossomos do complemento, incluindo um B (5) e dois Bs (6). Os padrões de dispersão e co-localização de H3 e DNAr 5S observados em *R. brasiliensis*, em especial a presença de sítios em todos os cromossomos, não é comum em gafanhotos, e possivelmente resultam de recombinações ectópicas e ação de transposons que provavelmente dispersam essas sequências a partir do sítio ancestral, localizado no par M7 para H3 e no G3 para o DNAr 5S. A presença de sítios H3 apenas no par M7 em Surubim (PE), Juazeiro do Norte (CE), João Pessoa (PB) e Picos (PI), e no M7 e no cromossomo B em dois indivíduos de duas populações de Pernambuco, sugerem que o B possivelmente se originou deste par autossômico.

Apoio financeiro: FACEPE, CAPES; CNPq

Keyword/Palavras-chave: Gafanhoto; Famílias multigênicas; FISH; Dispersão; Evolução

1 Programa de Pós-graduação em Genética, Centro de Biociências, Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Recife –PE, adrianadesouzamelo@gmail.com

2 Laboratório de Biodiversidade e Genética de Insetos, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade de Pernambuco (UPE), Recife-PE

3 GECEA, Departamento de Biologia, Instituto de Biociências/IB, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Rio Claro – SP.