

Mapeamento cromossômico das histonas H1 e H4 em espécies de Parodontidae (Characiformes)

Traldi, J.B.¹; Vicari, M.R.²; Martinez, J.F.³; Blanco, D. R.¹; Lui, R.L.⁴;
Moreira-Filho, O.³

Abstract/Resumo

Parodontidae é composta por três gêneros: *Parodon*, *Saccodon* e *Apareiodon*, os quais abrangem 31 espécies consideradas válidas. Do ponto de vista cromossômico, apresentam $2n=54$ cromossomos conservado, com variações nas fórmulas cariotípicas, número e localização dos DNAs ribossomais 45S e 5S e presença/ausência de cromossomos sexuais. O presente trabalho teve como objetivo contribuir para o conhecimento da diversidade cromossômica de Parodontidae, analisando, através de hibridizações *in situ* fluorescentes, a localização cromossômica dos genes das histonas H1 e H4 em sete espécies da família: *Apareiodon cavalcante*, *Apareiodon machrisi*, *Apareiodon* sp. 1, *Apareiodon* sp. 2, *Apareiodon argenteus*, *Apareiodon davisii* e *Parodon* cf. *pongoensis*. As sondas utilizadas foram amplificadas a partir do genoma de *A. cavalcante*. As sequências obtidas na amplificação das histonas H1 e H4 apresentaram 626 e 213 pares de bases, respectivamente, exibindo similaridade com sequências parciais destes genes de outras espécies de peixes. Além disso, a sequência de H1 amplificada apresentou similaridade com um fragmento interno do elemento transponível ERV1-2 FCa-I. As hibridizações revelaram a ocorrência de co-localização destes genes em porção intersticial de um único par cromossômico (par 20 em *P. cf. pongoensis* e par 13 nas demais espécies), ocorrendo também um sítio adicional de H1 em *A. davisii* e pequenos sítios dessa sequência dispersos pelos cariótipos de todas as espécies. Os resultados sugerem que o cluster H1-H4 alocado em apenas um par cromossômico seja a tendência para Parodontidae, indicando assim uma possível conservação desta clusterização em todas as espécies do grupo. Os pequenos sítios de H1 dispersos pelos cariótipos e o sítio adicional de *A. davisii* provavelmente estão associados ao retroelemento inserido nesta sequência. Além disso, o sítio adicional de *A. davisii* também pode ser resultado de rearranjos cromossômicos, bem como o par portador do cluster H1-H4 em *P. cf. pongoensis*. Apesar de ser sugerida a conservação da localização dos genes das histonas H1 e H4 em Parodontidae, as particularidades apresentadas por algumas espécies indicam que, em alguns casos, estes genes estão envolvidos em processos evolutivos que resultam em maior nível de diferenciação.

Órgãos financiadores: FAPESP, CAPES e CNPq

Apoio de coleta: ICM-Bio (licença N° 10538-1)

Keyword/Palavras-chave: Famílias multigênicas; Marcadores cromossômicos; Hibridização *in situ* fluorescente; Peixes

1 Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Santa Helena – PR, [jositaldi@hotmail.com](mailto:jositraldi@hotmail.com)

2 Universidade Estadual de Ponta Grossa, Ponta Grossa – PR

3 Universidade Federal de São Carlos, São Carlos – SP

4 Universidade Estadual do Oeste do Paraná, Cascavel – PR