

Caracterização e mapeamento cromossômico de duas famílias de DNA satélite em *Euchroma gigantea* (Coleoptera: Buprestidae)

Xavier, C.^{1,2}; Palacios-Gimenez, O.M.³; Cabral-de-Mello, D.C.³;
Moura, R. C.^{1,2}

Abstract/Resumo

Euchroma é um gênero considerado monotípico para *E. gigantea*, com descrição de quatro subespécies e um alto polimorfismo cromossômico, que decorre de rearranjos que podem estar relacionados a diferentes tipos de DNA repetitivo. Com o objetivo de investigar o papel de sequências repetitivas na diversificação cariotípica desta espécie, duas sequências de DNA satélite (DNAsat) foram caracterizadas, analisadas filogeneticamente entre diferentes cariótipos e mapeadas através de hibridização in situ fluorescente. Os espécimes analisados foram coletados em Belém (PA), Ribeirão Preto (SP), Brasília (DF), Recife (PE) e Maceió (AL). As sequências foram isoladas a partir de sequenciamento Illumina de baixa cobertura do genoma de um espécime com $2n=34$ (PE) e caracterizadas através de ferramentas de bioinformática. Adicionalmente, a sequência de DNAr 18S foi mapeada. Os espécimes analisados exibiram cariótipos com $2n=22$ (DF), 26(SP), 32(PA), 34(PE) e 35(AL), todos com mecanismo sexual múltiplo formado por cinco, seis ou oito cromossomos em cadeia. Apenas os espécimes com $2n=22$ não apresentaram cromossomos B, nos demais houve variação de três a 21. As sequências EgiSat1-172 e EgiSat2-202 apresentaram riqueza em pares de base A+T de 40,1% e 49,5%, respectivamente e proporções relativas no genoma de 0,299% para EgiSat1 e 0,09% para EgiSat2. A análise filogenética evidenciou um alto grau de identidade das sequências, o que pode ser decorrente do surgimento dessas sequências em um ancestral comum. A partir do mapeamento foram observados de dois a quatro sítios de EgiSat1 e EgiSat2 co-localizados na região pericentromérica de cromossomos autossomos nos cariótipos com $2n=22$, 26, 32, 34 ou em autossomos e no cromossomo X3 no cariótipo com $2n=35$. Estes padrões de distribuição foram similares aos do DNAr 18S. EgiSat1 e EgiSat2 não apresentaram similaridades com os genes do DNAr 45S, possivelmente estas sequências estão relacionadas a sequências próximas, como o espaçador intergênico. A variabilidade na distribuição de sítios de EgiSat1 e EgiSat2 pode decorrer de recombinação ectópica, reinserção de DNA circular extracromossômico ou atividade de transposons. Visando entender melhor a relação entre as sequências EgiSat1, EgiSat2 e o DNAr, sequências relacionadas estão sendo analisadas. Outros marcadores citogenéticos estão sendo utilizados a fim de elucidar a evolução cromossômica de *E. gigantea*.

Financiadores: CAPES, CNPq, FACEPE, FAPESP

Keyword/Palavras-chave: Evolução cromossômica; Citogenômica; DNA repetitivo

1 Pós-graduação em Genética - Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Recife – PE, crislainexavier.s@gmail.com

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

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