

Análise citogenômica confirma a origem alotetraploide de *Stylosanthes scabra* a partir de *S. viscosa* x *S. hamata*

Costa, I.¹; Aparecida, M.¹; Moraes, L.²; Melo, N.F.³; Almeida, C.¹;
Souza, G.²; Marques, A.¹

Abstract/Resumo

O gênero *Stylosanthes* (Fabaceae) possui grande importância agrônômica por seu uso forrageiro e sua associação com bactérias nitrificantes, que o torna ideal para adubação verde e recuperação de solos degradados. O gênero tem o Brasil como principal centro de diversidade, sendo citogeneticamente conhecido por apresentar cariótipos estáveis com $2n = 20$ e ocorrência de alotetraploides naturais, dentre esses *S. scabra*. Este trabalho teve como objetivo confirmar a origem desse alotetraploide a partir de *S. hamata* x *S. viscosa*. Para isso foi realizado o sequenciamento do DNA genômico total de *S. scabra*, *S. viscosa* e *S. hamata* utilizando a plataforma Illumina HiSeq 2000 com reads pareados. A caracterização da fração repetitiva dos genomas das três espécies foi feita individualmente e comparativamente no programa RepeatExplorer, no qual foi identificada a proporção das famílias de sequências repetitivas para cada espécie. Também foi feita a montagem do genoma plastidial (plastoma) das três espécies utilizando os programas NOVOPlasty v. 2.5.6 e Geneious v.9.1.8. A análise dos clusters obtidos no RepeatExplorer revelou vários grupos de DNA repetitivo presentes em *S. scabra* que eram específicos do genoma de *S. hamata* ou de *S. viscosa*, sendo esses principalmente pertencentes a famílias de DNA satélite. Uma análise dos contigs do DNA ribossomal (DNAr) mostrou alta similaridade de ambos DNAr 5S e 45S entre *S. scabra* e *S. viscosa*. A análise dos plastomas revelou uma alta similaridade (99,8%) entre o plastoma de *S. scabra* e *S. hamata* indicando que *S. hamata* seja seu possível parental materno. Análises de GISH corroboram essa relação de parentesco, mostrando que metade do complemento cromossômico de *S. scabra* é marcada com cada um dos parentais *S. hamata* e *S. viscosa*. A análise comparativa dos sítios de DNAr 5S e 45S por hibridização *in situ* fluorescente (FISH) revela que *S. scabra* não possui o somatório dos sítios observados nos seus parentais, sugerindo algum grau de diploidização. A FISH das famílias de DNA satélite específicas e retroelementos de *S. hamata* e *S. viscosa* nos cromossomos do híbrido *S. scabra* poderá contribuir para o entendimento dos mecanismos de evolução e estabilização genômica desse alotetraploide.

Keyword/Palavras-chave: *Stylosanthes*; Aloploiploide; GISH, DNA repetitivo; Plastoma

1 Laboratório de Recursos Genéticos, Universidade Federal de Alagoas, Campus Arapiraca, Arapiraca – AL - mcosta96@gmail.com

2 Laboratório de Citogenética e Evolução Vegetal, Departamento de Botânica, Universidade Federal de Pernambuco, Recife - PE

3 Laboratório de Biotecnologia, Embrapa Semiárido, Petrolina - PE