

***Citrus* vs *Murraya*: Padrões de heterocromatina semelhantes que diferem quanto à composição de sequências de DNA**

Dias, S.¹; Vaio, M.²; Barros e Silva, A.E.¹

Abstract/Resumo

Em Aurantioideae (Rutaceae) destacam-se os gêneros *Citrus*, *Poncirus*, *Fortunella* e *Murraya*, devido ao seu potencial econômico na produção de alimentos e valor ornamental. Citogeneticamente, as espécies desse grupo possuem uniformidade em relação ao número cromossômico $2n=18$, mas são diversificadas quanto ao padrão de distribuição da heterocromatina, observada através da coloração com Cromomicina (CMA). *Murraya paniculata* é filogeneticamente distante de *Citrus*, entretanto seu padrão de distribuição da heterocromatina é muito semelhante ao de várias espécies deste gênero. Assim, com o objetivo de conhecer as sequências repetidas de DNA que compõem a heterocromatina de *M. paniculata*, e compará-las com a principal sequência satélite presente na heterocromatina das espécies de *Citrus* (CsSat181), foi realizado um sequenciamento (NGS) do genoma de *M. paniculata*, utilizando a plataforma Illumina HiSeq. As sequências obtidas foram analisadas no pipeline Repeatexplorer, (<https://repeatexplorer-elixir.cerit-sc.cz/>) que utiliza uma representação gráfica baseada na similaridade das sequências para identificar os diferentes elementos repetidos presentes no genoma. A fração de sequências repetidas correspondeu a aproximadamente 25% do genoma da espécie ($C=490$ Mpb), sendo que as do tipo satélite constituíram a maior parte desse percentual (13,9%). Sequências repetidas dispersas do tipo retrotransposon LTR representaram cerca de 4,7% do genoma. Além dessas, outras sequências repetidas foram observadas em menor proporção, como os DNA transposons (0,3%) e pararetrovírus (1,5%). Cinco famílias de sequências satélite foram identificadas, com unidades de repetição variando entre 30-707 pb e destas, a mais abundante representou 12,5% do genoma (Cluster 1). As análises de blast entre as sequências satélite encontradas e a CsSat181 não mostraram nenhum grau de similaridade. A alta porcentagem de pares de bases do tipo GC (> 65%) e a presença de dímeros de tetranucleotídeos do tipo C-C-G-G-C-C-G-G (sítio de ligação do CMA ao DNA) encontradas em três famílias, incluindo o Cluster 1, sugerem que as mesmas sejam os constituintes da heterocromatina observada através da coloração com CMA em *M. paniculata*. Além disso, a ausência de homologia entre a CsSat181 com qualquer uma das sequências satélite obtidas no presente trabalho, é um indício que as bandas heterocromáticas em *Citrus* e *M. paniculata* tenham surgido de forma independente.

APOIO FINANCEIRO: CNPq e CAPES

Keyword/Palavras-chave: Heterocromatina; DNA satélite; Genômica

¹ Laboratório de Citogenética Vegetal, Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal da Paraíba, Areia-PB - sibelle.dias.bd@gmail.com

² Laboratorio de Evolución y Domesticación de Plantas, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo-Uruguay