V Reunião Brasileira de Citogenética e Citogenômica
5th Brazilian Meeting of Cytogenetics and Cytogenomics
30 e 31/Maio & 01 e 02/Junho de 2017

Diversidade no tamanho de genoma em Solanaceae Juss.

Mesquita, A.T.[1]; Azevedo, A.L.S.[2]; Cruz. M.V.R.[1]; Forni-Martins, E.R.[1]

Abstract/Resumo

A família Solanaceae é caracterizada por agrupar espécies com características cariotípicas conservadas a nível genérico. O número cromossômico constante e cariótipos geralmente simétricos compostos por cromossomos metacêntricos têm sido observados em muitos trabalhos para o grupo. Apesar dessa uniformidade, o tamanho do genoma apresenta uma maior diversidade e varia independentemente do número cromossômico. Nesse sentido, esse trabalho objetivou determinar a quantidade de DNA nuclear em 15 espécies pertencentes a cinco gêneros da família Solanaceae com número cromossômico já conhecido (todas no nível 2x, variando de 2n=16 a 2n=24, exceto *Physalis pubescens* L., com 2n=4x=48), no intuito de se compreender melhor a evolução cariotípica no grupo. As análises foram realizadas através da maceração de folhas jovens das espécies de interesse juntamente com uma porção do mesmo tecido da espécie *Pisum sativum* "Ctirad", utilizado como padrão de referência. O tampão LB01 foi utilizado para a dissociação celular e extração dos núcleos das amostras. As suspensões celulares foram coradas com iodeto de propídeo e as medidas foram realizadas para cada espécie, em três indivíduos com três repetições cada, no citômetro de fluxo BD FACs Calibur. Para a comparação dos dados observados, foi realizada uma análise de variância simples (ANOVA), seguida de teste de Tuckey, através do softwere Infostat. De acordo com as análises estatísticas, o tamanho do genoma apresenta diferenças significativas entre as espécies estudadas, variando cerca de oito vezes, de 2C= 2.6 pg (*Solanum flaccidum* Vell.) a 2C= 20.3 pg (*Cestrum laevigatum* Schltdl.). De acordo com os resultados obtidos, as espécies foram separadas em três grupos: genomas muito pequenos (1C<1,4 pg), pequenos (1,4<1C<3.5 pg) e intermediários (3,51<1C<13,99 pg). A maioria das espécies possui genomas considerados pequenos. Existem dois principais fatores associados a variações no tamanho de genoma em plantas, eventos de poliploidia e incremento ou deleção de porções repetitivas do DNA (principalmente elementos transponíveis). Em Solanaceae, existem poucos grupos com relatos de poliploidia, assim provavelmente, a variação observada no tamanho do genoma, bem como a evolução cariotípica, pode estar associada aos elementos repetitvos.

Keyword/Palavras-chave: Conteúdo de DNA; Elementos repetitivos; Evolução cromossômica

1 Universidade Estadual de Campinas, Campinas - SP, *mesquita.at@gmail.com*
2 Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora - MG