

## Retrotransposons centroméricos (CRs) nos genomas de *C. arabica* e seus parentais

Nunes, R.C.<sup>1</sup>; Yuyama, P.M.<sup>1</sup>; Guyot, R.<sup>2</sup>; Vanzela, A.L.L.<sup>1</sup>

### Abstract/Resumo

LTR-retrotransposons (LTR-RTs) são abundantes nos genomas das plantas, sendo *Gypsy* e *Copia* os mais representativos. A região centromérica acumula diferentes arranjos de sequências repetitivas, como DNA satélite e retrotransposons. Neste estudo foram triados LTR-RTs da linhagem CRM, baseado em domínios conservados da *gag*-POL nos genomas de *Coffea canephora*, *C. eugenoides* e *C. arabica*. Essas sequências foram anotadas e comparadas para verificar a diversidade desses elementos nos três genomas, e entender a dinâmica dos CRMs na formação do híbrido. Adicionalmente, sondas foram preparadas para a localização física de CRM por FISH. *Gypsy* representou a maioria dos retrotransposons (>50%), sendo que dessa fração, CRM representou ~20%. A comparação dos domínios conservados da transcriptase reversa de CRM permitiu caracterizar dez grupos autônomos de retrotransposons centroméricos de *Coffea* (CR*Coffea*), com >99% de identidade. Esses foram chamados de A, B, C, D, E, F, G, H, X e Y. A comparação da posição dos domínios conservados, usando a análise gráfica do Mauve, confirmou esses grupos. Exceto pelo grupo A, os demais CR*Coffea* não apresentaram cromodomínio, mas exibiram a cadeia poli-A e o CR *motif*. Apenas o grupo D em *C. canephora* e Y em *C. arabica* foram espécie-específicos. A FISH com a sonda da transcriptase reversa de CRM mostrou sinais acumulados preferencialmente nas regiões proximais nos três genomas. Contudo, *C. eugenoides* mostrou menos sinais intersticiais em relação às outras duas espécies. Os sinais de hibridização foram heterogêneos nas três espécies, com diferenças na intensidade dos sinais centroméricos, distribuição dispersa, além de ausência de sinais em alguns cromossomos. Em geral, os sinais de FISH foram colocalizados com a heterocromatina DAPI<sup>+</sup>, comum nas regiões proximais de *C. canephora* e *C. arabica*. Nossos resultados mostram que a linhagem CRM é diversa nos genomas de *Coffea*, seja do ponto de vista da estrutura do LTR-RTs de cada CR*Coffea*, como também da ocorrência e distribuição cariotípica, com sinais fora das regiões proximais, além de diferenças nos tamanhos. Apesar dessa diversidade, os cromossomos com sinais proximais mais intensos observados em *C. canephora* e *C. eugenoides*, também foram vistos em *C. arabica*, o que fortalece a hipótese da origem desse híbrido.

Keyword/Palavras-chave: Centrômeros; Cromovírus; LTR-RTs; Transcriptase reversa

1 Laboratório de Citogenética e Diversidade Vegetal, Departamento de Biologia Geral, CCB, UEL, Londrina, PR, Brazil - [renatacastronunes@gmail.com](mailto:renatacastronunes@gmail.com)

2 UMR, IPME, IRD, B.P.64501, 34394 Cedex 5 Montpellier, France.