

Estudo do rDNA 5S nos cromossomos de *Ancistrus sp.* (Siluriformes:Loricariidae)

Destro, R.F.¹; Borba, R.S.¹; Oliveira, F.M.¹; Mariotto, S.²;
Centofante, L.³; Zawadzki, C.H.⁴; Parise-Maltempi, P. P.¹

Abstract/Resumo

O gênero *Ancistrus* apresenta uma grande variação cariotípica, tanto em relação ao número diplóide que varia de $2n=42$ a $2n=54$, quanto em relação a morfologia dos cromossomos. O grupo também é caracterizado por apresentar heteromorfismo no tamanho da região organizadora de nucléolo (NOR), bem como grandes segmentos heterocromáticos evidenciados pelo bandamento C, o que faz com que o gênero se torne um importante modelo para o estudo de sequências repetitivas. O rDNA 5S é uma sequência importante para o genoma uma vez que é essencial para a síntese proteica, e também está relacionada com regiões frágeis no genoma (hotspots) em alguns organismos, podendo dessa forma atuar como marcador molecular de processos de rearranjos cromossômicos. Tendo isso em vista o presente trabalho teve como objetivo isolar sequências de rDNA 5S e realizar o mapeamento destes segmentos nos cromossomos de uma espécie de *Ancistrus sp.* proveniente do Córrego Tamanduá, Bacia do Rio Paraguai, com número diplóide $2n=42$ cromossomos. Os fragmentos de rDNA 5S foram amplificados via PCR, e como resultado foram observadas duas bandas, uma de aproximadamente 300 e outra de 100 pares de base. As bandas de menor tamanho foram extraídas do gel, clonadas e utilizadas separadamente como sondas na técnica de FISH. Foram observados grandes blocos de marcação em três cromossomos submetacêntricos distintos, sendo duas delas localizadas nos braços longos e uma nos braços curtos. A presença dessas grandes marcações em cromossomos distintos pode estar indicando uma possível associação da sequência do rDNA 5S com outros elementos de repetição nessa espécie, o que resulta no grande acúmulo deste segmento nos cromossomos estudados. Para melhor compreensão da organização destas sequências no genoma desta espécie, são necessários mais estudos em outras populações, bem como o sequenciamento do fragmento isolado, o que será feito na próxima etapa do trabalho.

Apoio financeiro: FAPESP

Keyword/Palavras-chave: Citogenética; DNA repetitivo; FISH

1 Instituto de Biociências, UNESP Universidade Estadual Paulista, Campus de Rio Claro, SP, Brasil, Rfdestro@gmail.com

2 Instituto Federal de Ciências e Tecnologia do Mato Grosso, Cuiabá, MT, Brasil.

3 Instituto de Biociências, UFMT Universidade Federal de Mato Grosso, Cuiabá, MT, Brasil.

4 Departamento de Biologia, NUPELIA, UEM, Maringá, PR.