

Genômica comparativa entre *Cerradomys scotti* e *Cerradomys subflavus* por pintura cromossômica

Malcher, S.M.¹; Pieczarka, J.C.^{1,5}; Geise, L.^{2,5}; Rossi, R. V.³;
O'Brien, P.C.M.⁴; Ferguson-Smith, M.A.⁴; Nagamachi, C.Y.^{1,5}

Abstract/Resumo

O gênero *Cerradomys* apresenta atualmente 8 espécies, todas com cariótipos básicos descritos. Essas espécies apresentam grande variação cromossômica, com número diploide variando de $2n=46$ em *Cerradomys langguthi* a $2n=60$ em *C. akroai*. Neste trabalho estudamos comparativamente os cariótipos de *Cerradomys scotti* (CSC) e *Cerradomys subflavus* (CSU) por bandeamentos G, C e pintura cromossômica utilizando sondas cromossomos totais de *Hylaeamys megacephalus* (HME: $2n=54$, $NFa=62$). Analisamos 3 exemplares de *C. scotti* (1 macho e 2 fêmeas) coletados nos estados de Mato Grosso e Minas Gerais e 3 exemplares de *C. subflavus* (2 machos e 1 fêmea) coletados no estado de Minas Gerais. *C. scotti* apresenta $2n=58$ e $NFa=70$, sendo composto por 7 pares de dois braços e 21 pares acrocêntricos, o X é submetacêntrico grande e o Y é submetacêntrico médio. *C. subflavus* apresenta $2n=54$ e $NFa=62$, sendo composto por 5 pares de dois braços e 21 pares acrocêntricos, o X é acrocêntrico grande e o Y é acrocêntrico pequeno. A Heterocromatina Constitutiva foi observada na região pericentromérica em todos os pares autossômicos, nas duas espécies. As FISHs (Hibridização *in situ* fluorescente) com as sondas de HME revelaram 36 segmentos de homologia no cariótipo de CSC e 6 associações sintênicas: HME19/7/[9,10] (CSC1), HEM21/6 (CSC2), HME12/[9,10] (CSC4), HME[13,22]/20 (CSC7), HME19/14/19/[13,22] (CSC8) e HME[16,17]/11 (HME10). No cariótipo de CSU, as FISHs revelaram 39 segmentos de homologia e 6 associações sintênicas: HEM6/21/8/1 (CSU1), HME 3/14/7/[9,10] (CSU2), HME15/12/[9,10] (CSU3), HME[13,22]/20 (CSU4), HME[16,17]/11 (CSU5) e HME14/19 (CSU9). O mapeamento genômico comparativo mostra que as duas espécies compartilham 4 associações sintênicas (HME 7/[9,10], HME12/[9,10], HME[13,22]/20 e HME14/19) das quais, somente a associação HME[13,22]/20 é compartilhada sem modificações; as demais formam blocos sintênicos diferentes nas duas espécies. Estes resultados demonstram que as duas espécies de *Cerradomys* apresentam cariótipos muito reorganizados entre si e ambos, em relação a HME. Rearranjos cromossômicos como translocações, inversões e fusões/fissões diferenciam o cariótipo das duas espécies. Análises nas demais espécies do gênero permitirão uma melhor compreensão dos mecanismos de rearranjos cromossômicos envolvidos na diferenciação das espécies de *Cerradomys*.

Keyword/Palavras-chave: FISH; *Hylaeamys*; Rearranjos Cromossômicos

1 Centro de Estudos Avançados da Biodiversidade, Laboratório de Citogenética, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pará, Belém-Pará, stella.malcher@hotmail.com

2 Departamento de Zoologia, Laboratório de Mastozoologia, Universidade do Estado do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro-Rio de Janeiro.

3 Instituto de Biociências, Universidade Federal do Mato Grosso, Mato Grosso, Brasil. Cuiabá-Mato Grosso.

4 Cambridge Resource Centre for Comparative Genomics, University of Cambridge, UK.

5 Pesquisador CNPq, Brasília-Goiás.