

Análise do sequenciamento em larga escala na caracterização e localização *in situ* de elementos repetitivos no genoma de *Apareiodon* sp. (Characiformes: Parodontidae)

Nascimento, V.D.¹; Schemberger, M.O.²; Nogaroto V.³; Ramos, E.⁴;
Almeida, R.B.⁵; Martins, C.⁶; Vicari, M.R.⁷

Abstract/Resumo

A família Parodontidae agrupa espécies sem sistemas de cromossomos sexuais heteromórficos e espécies com heterogametia feminina. Na diversificação dos sistemas de cromossomos sexuais ocorrem acúmulos de sequências de repetição *in tandem* e elementos transponíveis. Este estudo tem como objetivo integrar dados genômicos de elementos repetitivos comparando genomas macho e fêmea de *Apareiodon* sp. bem como seu mapeamento físico nos cariótipos. Nesta análise foram utilizados dois software: o RepeatExplorer que busca repetitivos, utilizando algoritmo de clusterização de sequências (*reads*) baseados em grafos, fazendo um comparativo de macho e fêmea e o RepeatMasker para anotação de elementos repetitivos em genomas montados de um macho e de uma fêmea de *Apareiodon* sp. Para a análise pelo RepeatExplorer uma amostra de 2.200.000 *reads* para cada sexo foi obtida, sendo que o resultado gerou 64 clusters dos quais 4 apresentaram diferenças significativas no número de *reads* de DNAs repetitivos agrupados entre macho e fêmea, sendo os clusters 09, 33, 45 e 60. As sequências destes 4 clusters foram submetidas ao CENSOR no web server <http://www.girinst.org>, para a busca de similaridade aos DNAs repetitivos neste banco de dados. Os DNA repetitivos com maior frequência no cluster 09 foram: DNA Transposon MuDR-7, DNA Satellite Sat-9 e DNA Transposon Kolobok-2. No cluster 33 foram o DNA transposon EnSpm/CACTA, retrotransposon Copia-4 e Penelope-1, e DNA transposon Harbinger. Já no Cluster 45 foram encontrados o não autônomo Rep-6 e o Retrotransposon Gypsy-19-I e no Cluster 60 o DNA transposon EnSpm-16/CACTA e Retrotransposon Gypsy-3. As sequências destes elementos repetitivos mais representativos nos genomas foram recuperadas para desenho de primers a partir do software primer3plus e, posterior construção de sondas para uso na hibridação *in situ* fluorescente (FISH). Os dados do RepeatMasker estão em análise para que juntamente com os dados do RepeatExplorer e da FISH seja obtida as diferenças quantitativas dos elementos repetitivos nos genomas macho e fêmea. Os resultados preliminares foram promissores para a caracterização dos elementos repetitivos no genoma de *Apareiodon* sp. Nesse contexto, com estes dados somados à localização cromossômica pretende-se compreender a diversificação cariotípica e dos cromossomos sexuais em Parodontidae.

Keyword/Palavras-chave: Parodontidae; Elementos repetitivos; Sequenciamento em larga escala; RepeatMasker; RepeatExplorer

1 Doutoranda em Genética da Universidade Federal do Paraná, Universidade Federal do Paraná, Curitiba – PR. vivi_biouepg@hotmail.com

2 Doutora em Genética da Universidade Federal do Paraná, Universidade Estadual de Ponta Grossa, Ponta Grossa – PR.

3 Doutora em Genética e Evolução da Universidade Federal de São Carlos, Universidade Estadual de Ponta Grossa, Ponta Grossa – PR.

4 Doutoranda em Ciências Biológicas (Genética) do Instituto de Biociências da UNESP/Botucatu, – SP.

5 Doutorando em Genética da Universidade Federal do Paraná, Universidade Federal do Paraná, Curitiba - PR.

6 Doutor em Genética e Evolução da UFSCAR, Universidade Estadual Paulista, Botucatu – SP.

7 Doutor em Genética e Evolução da Universidade Federal de São Carlos, Universidade Estadual de Ponta Grossa, Ponta Grossa – PR