

Distribuição de sequências repetitivas no genoma de duas espécies da ordem Caprimulgiformes (Aves) evidenciado por hibridização *in situ* fluorescente

Souza, M.S.¹; Kretschmer, R.²; Barcellos, S.A.²; Costa, A.L.³; Oliveira, E.H.⁴; Cioffi, M.B.⁵; Garnero, A.Del. V.⁶; Gunski, R.J.⁶

Abstract/Resumo

Apesar da pequena quantidade de Sequências Repetitivas (SRs) no genoma das aves, estas apresentam uma grande importância para diversidade genética dessa classe. Dentre os SRs destacam-se os microssatélites e clusters de rDNA18s. Assim o objetivo desse trabalho foi identificar os sítios das sequências rDNA18s e o acúmulo de algumas sequências microssatélites no genoma das espécies *Nyctibius griseus* (NGR) $2n=86$ e *Hydropsalis torquata* (HTO) $2n=74$. As preparações cromossômicas foram obtidas através de cultura de fibroblastos e cultura de curta duração de medula óssea. Para identificação de heterocromatina constitutiva aplicou-se a técnica de bandeamento C, e nos experimentos de FISH utilizaram-se sondas (CGG)₁₀, (CAC)₁₀, (CA)₁₅ (CAA)₁₀, (CAG)₁₀ e (GAG)₁₀ marcadas diretamente com avidina-CY3. No bandeamento C observou-se que o cromossomo W de *NGR* possui o mesmo tamanho e morfologia do cromossomo Z, porém totalmente heterocromático localizando-se entre os pares 3 e 4. As sequências (CAA)₁₀ apresentam-se acumuladas na região pericentromérica do braço longo do cromossomo W de *NGR*, além de alguns microcromossomos. (CAG)₁₀ também marcou um grande bloco na região pericentromérica, porém na região proximal do braço curto do mesmo cromossomo. E (GAG)₁₀ se distribuiu pelas regiões intersticiais dos braços p e q e na extremidade do braço q do cromossomo W de *NGR*. Essas três sondas não apresentaram marcações positivas no genoma de *HTO*. A sequência (CGG)₁₀ foi acumulada preferencialmente em microcromossomos nas duas espécies, porém em *NGR* percebe-se um acúmulo elevado na região pericentromérica do cromossomo W. As sondas (CAA)₁₀ e (CA)₁₅ hibridizaram nas regiões adjuntas aos telômeros de quase todos os microcromossomos, contudo nas duas espécies foi possível observar um particular acúmulo dessas sequências também na região pericentromérica (p) do 5º par do complemento cromossômico. Nessas espécies, os clusters ribossomais estão localizados em um par de microcromossomos, assim como em espécies basais da classe Aves. Embora *NGR* e *HTO* pertençam a mesma ordem ambas demonstram diferentes estágios de acúmulo de SRs. Em *NGR* ainda destaca-se o cromossomo W, sendo possível inferir que o mesmo passou por um processo de acúmulo de sequências repetitivas, o que explicaria o tamanho deste cromossomo, fato incomum para as aves.

Keyword/Palavras-chave: Microssatélites; rDNA18s; FISH; Caprimulgiformes

-
- 1 Programa de Pós Graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pampa, São Gabriel, RS - marcelodesouzabio@gmail.com;
2 Programa de Pós Graduação em Genética e Biologia Molecular, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre-RS;
3 Graduanda em Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pampa, São Gabriel, RS;
4 Laboratório de Cultura e Tecidos e Citogenética, Instituto Evandro Chagas Ananindeua, PA, Brasil e Universidade Federal do Para, PA
5 Departamento de Genética e Evolução da Universidade Federal de São Carlos, SP;
6 Professores do Programa de Pós Graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pampa, São Gabriel, RS