

Mapeamento físico de snDNA U2 em espécies da família Cichlidae

Uso, M.C.; Baldissera, J.N.C.; Vanzela, A.L.L.; Caetano, L.G.;
Dias, A.L.

Abstract/Resumo

O processo de splicing do RNA mensageiro é realizado pelo spliceossomo em um dos maiores e mais complexos mecanismos moleculares da célula. O spliceossomo consiste em cinco RNAs nucleares (snRNAs) – U1, U2, U4, U5 e U6 que, unidos com vários fatores proteicos, formam uma ribonucleoproteína nuclear (snRNPs). Os ciclídeos são um dos maiores e mais diversificados grupos de peixes, sendo importantes modelos de evolução biológica, além de serem apreciados na aquariorfilia e aquicultura. Apesar disso, ainda são poucos os trabalhos citogenéticos, com somente 154 espécies cariotipadas até o momento e este número se restringe ainda mais quando se trata de análises com sequências de DNAs repetitivos, principalmente em ciclídeos neotropicais. Sendo assim, o presente estudo tem como objetivo a localização cromossômica do gene snRNA U2 em diferentes espécies da família Cichlidae. Foi realizada a extração de DNA de *Cichlasoma* e utilizada como molde para amplificação do gene U2, com os primers U2F (59-ATC GCT TCT CGG CCT TAT G-39) e U2R (59-TCC CGG CGG TAC TGC AAT A-39). Essa PCR foi marcada com Cy3dUTP. O fragmento da PCR obtido no presente trabalho foi de, aproximadamente, 200 pb o que parece ser semelhante ao encontrado para o mesmo gene no genoma humano, que mostra uma região codificante de 188 pb. A hibridação fluorescente in situ (FISH) foi realizada em seis espécies de ciclídeos neotropicais. *Cichlasoma portalegreense*, *Gymnogeophagus gymnogenys*, *Crenicichla lepdota*, *Crenicichla maculata* e *Crenicichla niederleinii* apresentaram um par portador do sítio de DNAsn U2, enquanto *Crenicichla britski* apresentou dois pares. Os estudos com a sequência de DNAsn U2 em peixes ainda são muito restritos, mas em sua maioria evidenciam essa sequência em um único par cromossômico contudo, estudos recentes demonstram uma variabilidade maior em relação ao mapeamento físico desta sequência. Em ciclídeos existem análises de DNAsn U1 para 12 espécies, todas com um único sítio portador da sequência entretanto, para DNAsn U2 os dados aqui apresentados são os primeiros neste grupo de peixes e, apesar de preliminares, já indicam que análises desta e outras sequências de DNA repetitivo podem contribuir para um maior entendimento da organização genômica da família Cichlidae.

Keyword/Palavras-chave: Spliceossomo; Família multigênica; FISH