

Mapeamento cromossômico das sequências de histonas H1, H3 e H4 e U1, U2 snRNA no gênero *Omophoita* (Coleoptera, Chrysomelidae)

Wolski, M.A.V.¹; Barros, A.V.²; Nogaroto, V.³; Vicari, M.R.⁴;
Almeida, M.C.⁴

Abstract/Resumo

As proteínas histônicas estão presentes no nucleossomo e possuem um importante papel em eventos de modificação da cromatina e controle da expressão gênica. A família multigênica *U Small nuclear RNA* (U snRNA) compõem a maquinaria do spliceosomo. Embora adequados para utilização como sondas, pouco tem sido explorado em insetos. Com isso, o objetivo deste estudo foi compreender parte dos mecanismos geradores da variação citogenética no gênero *Omophoita*. Para isso foram caracterizadas as sequências das famílias gênicas H1, H3, H4 e U1, U2 snRNA para posterior utilização em localização *in situ* nas espécies: *O. octoguttata*, *O. personata*, *O. magniguttis* e *O. sexnotata*. Com os resultados foi possível determinar as sequências parciais dos genes aqui estudados. Além disso, foi possível associar a sequência de cada gene com elementos repetitivos: gene H1 e transposon L1-9_LCh; gene U1 snRNA e transposon SINEU-1A_Croc; gene U2 snRNA e transposon DIRS-1d_Lch. A localização *in situ* destas sequências resultou em: *O. octoguttata* evidenciou sítios marcados de H3 em todos os cromossomos e, 9 pares autossômicos, X+y, com clusters de H3, U2, U1; *O. personata* mostrou 5 bivalentes, X+y, com marcações de H1, H3 e, 8 bivalentes, X+y, com H4, U2, U1; *O. magniguttis* apresentou marcações de H1 em todos os cromossomos, 8 pares autossômicos e y com H3 e H4, 6 bivalentes e y com U2 e, 5 bivalentes e y com U1; *O. sexnotata* mostrou a presença de H3 em todos os cromossomos, 3 pares autossômicos, X+y, com H1, 9 bivalentes, X+y, com H4, U2 e, 7 bivalentes, X+y, com U1. Além disso, houve sintonia de localização cromossômica para todas as sequências em todas as espécies analisadas. Os resultados da localização *in situ* com presença de transposons inseridos mostram variações moleculares nos cariótipos de *Omophoita* que anteriormente eram consideradas conservadas. Também reforça a hipótese de transposição de sequências associadas a elementos transponíveis e origem de pseudogene de famílias multigênicas. Embora preliminares, os resultados obtidos para a caracterização das famílias gênicas histônicas e U snRNA mostraram-se promissores para o entendimento das variações cariotípicas interespecíficas em *Omophoita*.

Apoio: CNPq, SETI-PR, Fundação Araucária e CAPES

Keyword/Palavras-chave: Famílias multigênicas; Hibridação *in situ* fluorescente; Rearranjos cromossômicos

1 Doutoranda em Genética, Universidade Federal do Paraná, Curitiba - PR, miavw@hotmail.com.

2 Doutor em Genética, Universidade Federal do Paraná, Curitiba – PR

3 Doutora em Genética e Evolução, Universidade Estadual de Ponta Grossa, Ponta Grossa – PR

4 Doutor em Genética e Evolução, Universidade Estadual de Ponta Grossa, Ponta Grossa – PR

5 Doutora em Ciências Biológicas (Biologia Celular e Molecular), Universidade Estadual de Ponta Grossa, Ponta Grossa – PR