LOCALIZAÇÃO IN SITU DE SEQUÊNCIAS SATÉLITES EM *Ancistrus* sp. (SILURIFORMES: LORICARIIDAE)

Guilherme Zanlorensi (PIBIC/CNPq), Matheus Azambuja, Marcelo Ricardo Vicari, Viviane Nogaroto Vicari (Orientadora), e-mail: vivianenogaroto@uepg.br

Universidade Estadual de Ponta Grossa/Departamento de Biologia Estrutural, Molecular e Genética.

2.02.00.00-5 Genética; 2.02.04.00-0 Genética Animal.

Palavras-Chave: *Citogenética molecular, DNAs repetitivos, rearranjos cromossômicos.*

Resumo

Os Peixes da família Loricariidae são interessantes do ponto de vista genético e evolutivo por apresentarem ampla gama de variação cariotípica, tanto em número quanto em estrutura de cromossomos. No gênero *Ancistrus* sp., regiões de DNA repetitivo já foram identificados em pontos de fusão cromossômica, contribuindo para plasticidade cariotípica. Neste trabalho, realizamos a prospecção e o mapeamento por hibridização *in situ* fluorescente (FISH) de sequências de DNA satélite (satDNA) no genoma de *Ancistrus* sp. O satélite AnSat01 está localizado na região centromérica de quase todos os pares cromossômicos, enquanto o AnSat02 foi observado principalmente em regiões terminais.

Introdução

Em Loricariidae, os DNAs repetitivos estão envolvidos em rearranjos cromossômicos, contribuindo na plasticidade cariotípica apresentada pelo grupo (BARROS et al., 2017; GLUGOSKI et al., 2020). Em peixes, as sequências repetitivas dos DNAs satélites (satDNAs) estão envolvidas na evolução dos cromossomos sexuais e em processos de especiação (UTSUNOMIA et al., 2016; KRETSCHMER et al., 2022). O objetivo deste trabalho foi a prospecção e localização in situ de satDNAs em *Ancistrus* sp., a fim de se verificar a contribuição destas sequências repetitivas em rearranjos cromossômicos.

Materiais e Métodos

Os exemplares de *Ancistrus* sp. foram capturados no rio Ivaí (bacia do rio Ivaí, Prudentópolis-PR). O DNA genômico de uma fêmea foi extraído e encaminhado para sequenciamento em plataforma *Next Generation Illumina Hi-Seq* (100 pb paired-end reads). O programa *Tandem repeats analyzer* (TAREAN) (NOVÁK et al., 2017), identificou os satDNAs mais representativos. Foram sintetizados *primers* para o AnSat01 e Ansat02, os quais foram isolados por PCR e usados como sondas em ensaios de FISH (PINKEL et al., 1986).

Resultados e Discussão

Ancistrus sp. apresentou 2n=50 e 20m +12sm + 6st + 12a. Foram identificados 22 satDNAs. Na análise da FISH, a sonda AnSat01 mostrou-se presente em quase todos os cromossomos na região centromérica, à exceção dos pares 7, 8, 24 e 25, além de regiões terminais dos pares 13 e 17 (Figura 1a). Este satélite provavelmente teria função de manutenção centromérica. O AnSat02 foi localizado na região terminal do braço p nos pares 3, 4, 6 e18; na região terminal do braço q nos pares 5, 15, 16, 18, 20, 22, 23 e 24; além de sinais na região proximal do braço q nos pares 7e 13 (Figura 1b). Sinais dispersos em alguns pares podem ser decorrentes do envolvimento de elementos transponíveis na transposição destes satélites.

a) b)

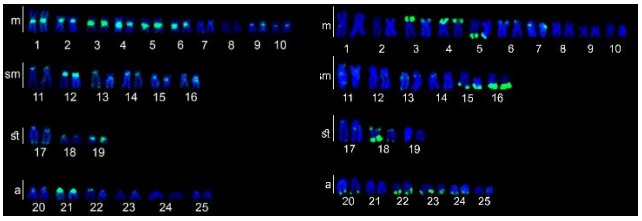


Figura 1. Cariótipo de *Ancistrus* sp. submetido à FISH. Marcações em verde com a sonda a) AnSat01 e b) AnSat02.

Conclusão ou Conclusões

Não foram encontradas marcações exclusivas dos satDNAs em regiões sabidamente conhecidas como pontos de fusão cromossômica em *Ancistrus* sp. Outros satélites serão analisados posteriormente a fim de se conhecer o seu envolvimento em rearranjos cromossômicos.

Agradecimentos

Ao CNPQ pela bolsa concedida. Aos orientadores e demais membros do CBSF lab.

BARROS, A.V., WOLSKI, M.A.V., NOGAROTO, V.; et al. Fragile sites, dysfunctional telomere and chromosome fusions: What is 5S rDNA role? **Gene.** v. 608, p. 20–27, 2017.

GLUGOSKI, L., DEON, G., SCHOTT, S., et al. Comparative cytogenetic analyses in *Ancistrus* species (Siluriformes: Loricariidae). **Neotropical Ichthyology**. v. 18, 2020.

KRETSCHMER, R., GOES, C.A.G., BERTOLLO, L.A.C., et al. Satellitome analysis illuminates the evolution of ZW sex chromosomes of Triportheidae fishes (Teleostei: Characiformes). **Chromosoma**. v. 131, p. 29–45, 2022.

NOVÁK, P. et al. TAREAN: a computational tool for identification and characterization of satellite DNA from unassembled short reads. **Nucleic Acids Research.** v. 45, n. 12, p. e111–e111, 2017.

PINKEL, D., STRAUME, T., GRAY, J.A. Cytogenetic analysis using quantitative, high-sensitivity, fluorescence hybridization. **Proceeding of the National Academy of Sciences USA**, v. 83, p. 2934–2938, 1986.

UTSUNOMIA, R., SILVA, D.M.Z.A., RUIZ-RUANO, F.J., et al. Uncovering the ancestry of B chromosomes in Moenkhausia sanctaefilomenae (Teleostei, Characidae). **PloS ONE**. v. 11, p. e0150573–e0150573, 2016.