

IMPACTOS DA PINTURA CROMOSSÔMICA NA CITOGENÉTICA COMPARATIVA

Coordinadora: Pedrosa-Harand A.¹. ¹Departamento de Botânica, Universidade Federal of Pernambuco, Recife-PE, Brasil.

andrea.harand@ufpe.br

A pintura cromossômica utilizando sondas cromossomo-específico revolucionou os estudos evolutivos em mamíferos e outros grupos de vertebrados, mas sempre foi um desafio em plantas. Abordagens distintas em plantas permitiram realizar pintura em poucas espécies vegetais até bem pouco tempo, mas avanços recentes da técnica de Oligo-FISH (hibridização *in situ* fluorescente com sondas de oligonucleotídeos) prometem ampliar o uso dessa abordagem em plantas e animais. Além das diversas possibilidades de distinção de cromossomos inteiros ou de regiões cromossômicas, em células mitóticas e meióticas de uma espécie, as sondas podem ser localizadas em espécies relacionadas, permitindo aprofundar os estudos citogenéticos comparativos. Nesse simpósio, pretendemos discutir os avanços e contribuições da pintura cromossômica em animais e plantas, destacando as perspectivas atuais.

REARRANJOS CROMOSSÔMICOS ENTRE ESPÉCIES DE *Vigna* E *Phaseolus vulgaris* REVELADOS POR BAC-FISH E OLIGO-FISH

Brasileiro-Vidal A.C.¹, F.O. Bustamante¹, L.V. Martins^{1,2}, A.R.S. Oliveira¹, E.V. Vasconcelos¹, S.W.D.S.I. Alves¹, H. Zhao², V.A. Costa¹, G.S. Lima¹, A.F. Costa³, M. Muñoz-Amatriaín⁴, T.J. Close⁴, A.M. Benko-Iseppon¹, A. Pedrosa-Harand¹, J. Jiang².
¹Universidade Federal de Pernambuco, Brasil; ²Michigan State University, USA; ³Instituto Agrônomo de Pernambuco, Brasil; ⁴University of California, USA.

brasileirovidal.ac@gmail.com

Vigna e *Phaseolus* (Fabaceae) são legumes tropicais, com espécies de importância socioeconômica. *Vigna* é dividido em cinco subgêneros: três africanos (*Vigna*, *Haydonia* e *Plectotropis*); um americano (*Lasiospron*); e um asiático (*Ceratotropis*). Genomas montados estão disponíveis para *V. angularis* (*Va*), *V. radiata* (*Vr*) e *V. unguiculata* (*Vu*). Contudo, apenas *Vu* possui mapas citogenéticos para os 11 pares cromossômicos. Para uma melhor compreensão sobre a evolução cariotípica do grupo, uma análise citocomparativa foi realizada incluindo três subespécies de *Vu* (subgênero *Vigna*), três espécies do subgênero *Ceratotropis* (*V. aconitifolia*, *Va* e *Vr*), uma de *Lasiospron* (*V. longifolia*) e *Pv*, mediante BAC-FISH e Oligo-FISH. BAC-FISH usando BACs de *Vu* e *Pv* mostrou macrossintenia parcial entre *Vigna* e *Phaseolus* com alguns rearranjos cromossômicos, incluindo translocações, inversões e duplicação, envolvendo cinco cromossomos (Cr1, 2, 3, 5 e 8, considerando nomenclatura de *Pv* e *Vu*). Além disso, sondas baseadas em

oligonucleotídeos foram desenvolvidas para pintura de *Pv2* e *Pv3*, permitindo mapear mais precisamente uma translocação entre esses cromossomos nas espécies de *Vigna*. Sugere-se que esta alteração é posterior à divergência de *Vigna* e *Phaseolus* e se mantém nas espécies de *Vigna*, com algumas particularidades. Entre as espécies de *Vigna*, quatro cromossomos estão envolvidos em rearranjos (Cr1, 2, 4 e 5), os quais parecem ter ocorrido após a separação dos subgêneros *Vigna* e *Ceratotropis*. O presente trabalho evidencia os principais os rearranjos responsáveis pela evolução cariotípica do grupo.

OLIGO-FISH EM PLANTAS: O CASO DE *Solanum*

Torres G.¹, G. Tomaz Braz². ¹Universidade Federal de Lavras, Brasil; ²Michigan State University, USA.

gatorres@ufla.br

Os estudos cariotípicos em plantas, especialmente os evolutivos, enfrentam o grande desafio da baixa disponibilidade de marcas cromossomo-específicas para individualização dos cromossomos. A utilização de sondas baseadas em oligonucleotídeos na hibridização *in situ* fluorescente (FISH) se tornou uma estratégia poderosa, barata e replicável para a identificação de cromossomos de mamíferos e plantas. No caso de *Solanum*, foram selecionadas regiões específicas de cada cromossomo de batata (*Solanum tuberosum*) para criar um sistema de “código de barras” que combina duas cores (verde e vermelho). A estratégia possibilitou a identificação precisa dos 12 cromossomos de espécies diploides e poliploides em uma única preparação de FISH. As sondas desenhadas foram eficientes também em espécies de *Solanum* relacionadas à batata, como tomate e berinjela, que divergiram de 7 a 14 milhões de anos, respectivamente. Rearranjos cromossômicos foram identificados e validados utilizando a pintura cromossômica baseada em novas sondas de oligos desenhadas para identificar cromossomos inteiros. As sondas cromossomo-específicas também foram eficientes para monitorar o comportamento de um único cromossomo durante a meiose. Para as espécies com genoma sequenciado e para aquelas não cultivadas e filogeneticamente relacionadas, o desenvolvimento de sondas baseadas em oligos para hibridização *in situ* fluorescente (FISH) é uma ferramenta com alto poder de resolução para distinguir cromossomos e abre novas perspectivas para estudos comparativos.

PINTURA CROMOSSÔMICA EM MAMÍFEROS E OUTROS GRUPOS ANIMAIS: INFERÊNCIAS POSSÍVEIS DOS RESULTADOS

Pieczarka J.¹. ¹Universidade Federal do Para, Brasil.

juliopieczarka@gmail.com

As primeiras sondas de cromossomos totais, cujo uso é denominado pintura cromossômica, foram humanas, utilizadas na detecção de anomalias cromossômicas e cromossomos marcadores. Estas sondas de DNA humano passaram a ser hibridizadas em cromossomos não-humanos, originando a pintura cromossômica comparativa (ZOO-FISH), revolucionando os estudos de mapeamento genético em mamíferos e outros grupos de vertebrados. A ZOO-FISH mostrou-se uma ferramenta poderosa para detectar homeologias cromossômicas, especialmente em casos onde os cariótipos são muito rearranjados e não é possível a análise por bandeamento G. É também útil para construir mapas genômicos de espécies ainda não estudadas. O desenvolvimento posterior de sondas de outras espécies ampliou o alcance da técnica, pois a existência de distâncias filogenéticas consideráveis entre os organismos analisados dificulta enormemente a hibridização. Estudos desta natureza demonstram o valor da técnica na resolução de questões citotaxonômicas, bem como na compreensão dos mecanismos de rearranjos cromossômicos ocorridos durante a evolução. Esta abordagem tanto é útil na construção de filogenias dos organismos analisados como na compreensão dos processos de evolução cromossômica. Particularmente interessante é a análise dos grupos sintênicos e suas implicações para a estrutura do genoma.
