

Papel do retrotransposons na diversidade cariotípica e genômica em *Eleocharis* (Cyperaceae)

Thaíssa Boldieri de Souza; André Luís Laforga Vanzela

Abstract/Resumo

Sequências repetitivas representam a maior porção dos genomas das plantas, sendo os elementos transponíveis (ETs) os mais abundantes e classificados de acordo com seu mecanismo de transposição. Elementos de Classe I (retrotransposons) são sintetizados e transpostos usando um RNA intermediário, sendo mais acumulados que os de Classe II (transposons), que usam o mecanismo de corta-e-cola. As espécies de *Eleocharis* possuem cromossomos holocêntricos, alta frequência de disploidia, o que poderia levar à estresse genômico e à expressão de ETs. Nosso objetivo foi comparar a ocorrência e a distribuição de linhagens dos retrotransposons *Copia* e *Gypsy* em cromossomos de *Eleocharis*, e relacioná-las com o conteúdo de DNA. Foram selecionadas espécies com diferentes níveis de ploidia, conteúdo de DNA e algumas com rearranjos cromossômicos. Essas amostras foram analisadas por citometria de fluxo, análises genômicas e citogenética molecular. Os genomas de *E. elegans* e *E. geniculata*, parcialmente sequenciados por Illumina, serviram como fonte para a busca de trechos conservados de retrotransposons com LTR (LTR-RTs). Linhagens foram isoladas e comparadas usando domínios conservados da transcriptase reversa, integrase e RnaseH. Tais sequências foram usadas para o desenho de *primers* e produção de sondas. Os dados do sequenciamento mostraram que os LTR-RTs representam a maior fração repetitiva desses genomas, com predominância de membros dos clados Athila/Tat e Sirevirus. Os dados de citogenômica evidenciaram uma correlação positiva entre o aumento dos níveis de ploidia e a quantidade de DNA nuclear, atribuída principalmente à poliploidia, e não pelo efeito direto dos retrotransposons. A FISH mostrou que os retrotransposons podem ocorrer dispersos e em blocos, mas com diferenças na quantidade e localização física entre as linhagens e entre espécies. Embora não haja uma distribuição específica para cada linhagem nos holocêntricos, se comparado com os monocêntricos, a linhagem CRM apareceu colocalizada com os holocentrômeros em algumas hibridizações. Apesar do sequenciamento de baixa cobertura ter sido útil no estudo da diversidade de LTR-RTs, a união de todas as técnicas permitiu relacionar os níveis de ploidia com o conteúdo de DNA e a atividade dos retrotransposons.

Keyword/Palavras-chave: Citometria de fluxo; Elementos de transposição; Hibridização *in situ*; Holocêntricos

Universidade Estadual de Londrina, Londrina-PR, thaissa.boldieri@yahoo.com.br