Ciências Biológicas

Caracterização da fração de DNA repetitivo nos genomas de espécies do gênero Cynodon sp.

Juliana de Oliveira Silva - 4° período de Ciências Biológicas, UFLA, Atividade vivencial/UFLA.

Giovanna Angeli Belo - Coorientadora, Doutoranda do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, UFLA

Mariana Alejandra Baez - Pesquisadora University of Bonn – Alemanha

Flávio Rodrigo Gandolfi Benites - Pesquisador da Embrapa Gado e Leite – Juiz de Fora MG

Giovana Augusta Torres - Professora Titular do Departamento de Biologia, UFLA

Vânia Helena Techio - Professora associada do Departamento de Biologia, UFLA - vhtechio@ufla.br. Orientadora. - Orientador(a)

Resumo

O gênero Cynodon (Poaceae) é formado por plantas de hábitos forrageiros, amplamente utilizados para pastagens e para ornamentação. O gênero possui um número pequeno de espécies, muitas sinonímias e carece de caracteres morfológicos específicos, dificultando sua identificação. Sequências repetitivas, como DNA satélites e elementos transponíveis (ET), podem constituir até 90% do genoma das plantas e possuem um papel determinante na estrutura e tamanho dos cromossomos. Desta forma, estudos citogenéticos associados a ferramentas bioinformáticas podem contribuir para a identificação de espécies. Sendo assim, o objetivo desse trabalho, foi caracterizar a composição do DNA repetitivo de três espécies diploides do gênero Cynodon (C. dactylon, C. incompletus e C. nlemfuensis), a fim de obter informações que possam auxiliar na compreensão do genoma desse gênero, assim como suas relações evolutivas. Para isso, foi realizado o sequenciamento de nova geração do DNA das três espécies citadas. As sequências obtidas foram pré processadas plataforma do RepeatExplorer e posteriormente analisadas pela ferramenta do RepeatExplorer2. A cobertura real do genoma haploide das espécies foi de aproximadamente 0,2X, obtendo no total 719082 reads de C. dactylon, 662.582 reads de C. incompletus e 833.778 reads de C. nlemfuensis. Dentro destes valores encontrados, C. nlemfuensis apresentou 66,3% do genoma analisado composto por DNA repetitivo, seguido por C. incompletus com 65,5% e C. dactylon com 64,3%. C. dactylon apresentou 32,1% de seu DNA repetitivo na classificado como ET de repetição terminal longa (ET-LTR), 24,1% como DNA satélite, 10% como DNA plastidial, 2,8% de rDNA, 0,1% como ET de classe I não-LTR, 1,2% de ET Classe II e 29,7% foram classificados como outros. Na espécie C. nlemfuensis, os satélites totalizaram 37,4%, seguidos por 33,2% de ET-LTR, 7% de DNA plastidial, 3,6% rDNA, 1,3% ET Classe II, 0,1% como ET de classe I não-LTR e 17,4% como outros. Em C. incompletus, 48,9% do DNA repetitivo foi identificado como satélite, 21,6% de ET-LTR, 9,1% como DNA plastidial, 2,1% como rDNA, 0,8% como ET de classe I não-LTR, 0,7% ET Classe II e 16,6% foram classificados como outros. Sendo assim, foi possível observar que assim como outras espécies vegetais, o DNA repetitivo compreende a maior parte do genoma das espécies do gênero Cynodon. Entretanto, a porcentagem elevada de DNA satélite encontrada principalmente em C. incompletus chama atenção e deve ser explorada.

Palavras-Chave: C. dactylon, C. incompletus, C. nlemfuensis.
Link do pitch: https://youtu.be/mE7xrUjgPRo