

# Evolução molecular dos cromossomos sexuais de *Piezodorus guildinii* com base nos DNAs satélites (Heteroptera, Pentatomidae)

Vitória Lourejan Ferreira, Diogo Cavalcanti Cabral de Mello, Vanessa Bellini Bardella, Rio Claro, Instituto de Biociências, Ciências Biológicas, vitoria.lourejan@unesp.br, bolsa PIBIC.

Palavras Chave: satélite, Pentatomidae, cromossomos sexuais.

## Introdução

DNAs repetitivos são muito comuns no genoma de eucariotos e um dos tipos que mais ocorrem são os DNAs satélites. A família Pentatomidae da subordem Heteroptera exibe vários representantes classificados como inseto praga de muitas lavouras de importância agrícola. Nesse sentido, desvendar a evolução molecular de seus cromossomos sexuais com base nos DNAsat concretiza-se como uma ferramenta tanto para desvendar a evolução molecular desses cromossomos, quanto para a realização de futuros controles biológicos dessas espécies.

## Objetivo

Compreender o padrão de enriquecimento de DNA satélites na evolução no sistema de determinação sexual cromossômico de *P. guildinii*.

## Material e Métodos

O sequenciamento NGS de macho e fêmea de *P. guildinii* foi utilizado para obtenção de DNA satélites (DNAsat) com o auxílio do programa *RepeatExplorer*. Em seguida, os DNAsat com maior proporção foram utilizados para análise no genoma no *RepeatMasker*. Estes DNAsat foram selecionados para amplificação (PCR) e detecção cromossômica por meio da hibridização *in situ* fluorescente (FISH).

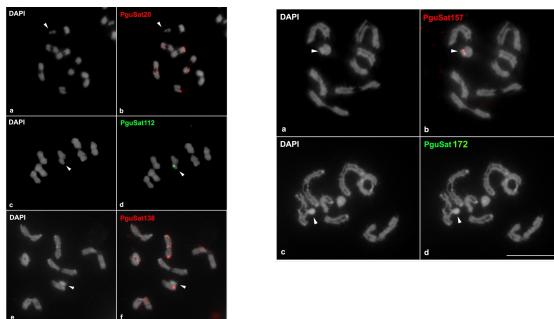
## Resultados e Discussão

Com o *RepeatExplorer* foram encontrados 15 DNAsat. Destes, apenas cinco foram selecionados para análises mais específicas, devido à proporção maior do DNAsat em algum dos sexos. No macho foram representativos quatro DNAsat (*PguSat20*, *PguSat112*, *PguSat157* e *PguSat172*). Já no genoma da fêmea foi diferencial somente o *PguSat138*. A abundância frente aos reads sequenciados foi maior no *PguSat138*. Já o DNAsat com maior acumulação de variação nucleotídica foi o *PguSat112* (Tabela 1). Na análise cromossômica tanto o *PguSat112* e *PguSat157* foram localizados no cromossomo Y (Figura 1), enquanto que o *PguSat20*, *PguSat138* foram observados no cromossomo X e em alguns bivalentes (Figura 2).

Somente o *PguSat172* não exibiu sinal na FISH, fato provavelmente associado a não clusterização deste DNAsat.

**Figura 1.** FISH dos DNAsat *PguSat20* (a-b), *PguSat112* (c-d) e *PguSat138* (e-f) em células meióticas de *P. guildinii*. Ponta de setas indicam o cromossomo sexual Y. Barra = 10µm.

**Figura 2.** FISH dos DNAsat *PguSat157* (a-b) e *PguSat172* (c-d) em *P. guildinii*. Ponta de setas indicam o cromossomo sexual Y. Barra = 10µm.



**Tabela 1.** Dados moleculares dos DNA satélites de *P. guildinii* em relação aos “reads” sequenciados no genoma da fêmea e do macho.

Satélite	Abundância fêmea (%)	Abundância macho (%)	Proporção Macho/fêmea	K2P fêmea	K2P macho
<i>PguSat20</i>	0,424384888	0,470675526	1,10907702	11.24	9.85
<i>PguSat112</i>	0,003680788	0,065099993	17,6864279	30.59	13.99
<i>PguSat138</i>	2,363819567	2,224246791	0,94095456	22.32	22.35
<i>PguSat157</i>	2,86875E-05	0,041984506	1463,51185	36.32	9.02
<i>PguSat172</i>	0,00843025	0,023187974	2,75056768	8.77	7.60

## Conclusão

Em *P. guildinii* dois DNA satélites foram encontrados abundantemente no cromossomo Y, enquanto o X compartilhou dois DNA satélites com os autossomos. Isso indica que nos cromossomos性uais houve uma ruptura na composição repetitiva, resultando em caminhos evolutivos distintos para cada cromossomo sexual.

## Agradecimentos

Bolsista PIBIC de 08/2021 a 09/2022

Papeschi AG, Bressa MJ (2006) Evolutionary cytogenetics in Heteroptera. J Biol Res 5:3–21  
Ferretti, ABSM, DNAs satélites e evolução do sistema sexual neo-xy do gafanhoto ronderosia bergii: uma abordagem citogenômica 2020