

# Caracterização cromossômica e de DNAs repetitivos na espécie de mariposa praga *Chrysodeixis includens* (Lepidoptera, Noctuidae)

Isabele Frois Costa Barreiros<sup>1</sup>, Ana Beatriz Stein Machado Ferretti<sup>2</sup>, Ana Elisa Gasparotto<sup>2</sup>, Emiliano Marti<sup>2</sup>, Diogo Cavalcanti Cabral-de-Mello<sup>2</sup>

<sup>1,2</sup>Instituto de Biociências, UNESP – campus Rio Claro

<sup>1</sup>Bacharelado em Ciências Biológicas, bolsista PIBIC-CNPq – email: isabele.frois@unesp.br

Palavras Chave: *cariótipo, DNAs repetitivos, FISH*

## Introdução

A família de mariposas Noctuidae é um dos principais grupos de lepidópteros por sua grande diversidade com espécies pragas conhecidas por causarem danos a plantas cultivadas, ocasionando sérias perdas econômicas. No Brasil, destaca-se a espécie *Chrysodeixis includens*, conhecida como falsa-medideira, que é a principal praga da soja. Embora a família apresente grande importância econômica, pouco se sabe sobre sua estrutura e organização cromossômica. Assim, estudos genômicos são importantes para o entendimento de seus mecanismos genéticos, que contribuem para a evolução de suas populações, podendo auxiliar em futuros programas de controle. Dentre os elementos genômicos, os DNAs repetitivos compõem uma grande fração e estão envolvidos na estruturação e funcionamento dos genomas.

## Objetivo

Entender a composição, estrutura e evolução do genoma da mariposa praga *C. includens* com ênfase na organização de DNAs repetitivos.

## Material e Métodos

Indivíduos de *C. includens* foram obtidos do Instituto ESALQ-USP (Piracicaba/SP). O número diploide foi determinado de contagens repetidas de células em metáfases mitóticas obtidas de discos da asa de machos e fêmeas no quarto instar. Foram mapeados por Hibridização *in situ* fluorescente (FISH) a sequência telomérica e o DNA ribossomal (DNAr) 18S. Foi realizado o sequenciamento dos genomas de macho e fêmea pela plataforma Illumina Hiseq 4000 para caracterização do *repeatome* (DNA satélite e Elementos Transponíveis) através do RepeatExplorer associado com a ferramenta do TAREAN. Finalmente, os DNAs repetitivos foram isolados e mapeados por FISH.

## Resultados e Discussão

O número diploide foi definido  $2n=62$  para macho e fêmea, cariótipo comumente encontrado em Lepidoptera. O mapeamento por FISH com a sonda telomérica revelou apenas sinais característicos nas extremidades dos cromossomos, sem presença de sinal intersticial, indicando ausência de alterações cromossômicas como fusão. Também não foi encontrada variação no número cromossômico, sugerindo um sistema WZ/ZZ com a fêmea heterogamética. A FISH com DNAr 18S em paquítenos de machos apresentou localização na região terminal de um bivalente autossômico, o que está de acordo com outros DNAr mapeados em lepidópteros.

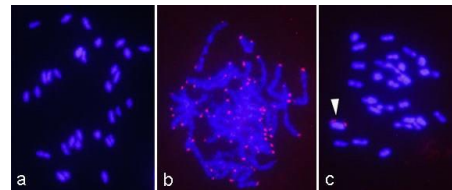


Figura 1. Cromossomos de *C. includens*. (a) metáfase I corada com DAPI, (b) paquíteno hibridizado com sonda telomérica, (c) metáfase I hibridizada com sonda de DNAr 18S (cabeça de seta).

Para a caracterização dos DNAs repetitivos foram selecionadas três DNAsat (CinSat01, CinSat02 e CinSat03) mais abundantes no genoma do macho e uma classe de TE (LTR) identificada no genoma da fêmea. A FISH para o satélite CinSat01 revelou sinais intersticiais além de sinais clusterizados espalhados ao longo dos paquítenos, o CinSat02 mostrou sinais localizados nas regiões terminais de sete bivalentes e quatro sinais intersticiais em quatro bivalentes, enquanto que o CinSat03 revelou apenas marcação intersticial em quatro paquítenos. Os três satélites encontram-se em regiões dispersas dos cromossomos, não exclusivamente em regiões heterocromáticas. O mapeamento por FISH do TE revelou padrões semelhantes nos paquítenos de fêmea, mostrando sinais clusterizados e dispersos ao longo dos cromossomos, sem evidência de enriquecimento em regiões específicas.

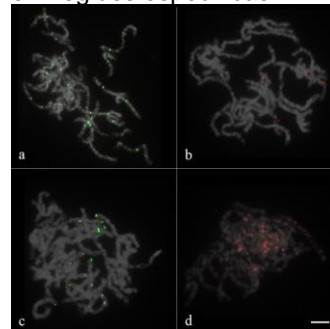


Figura 2. Paquítenos de macho de *C. includens* marcados por FISH com os satélites (a) CinSat01, (b) CinSat03 e (c) CinSat02. Note a diferença de localização dos sinais. Paquítenos de fêmea marcados por FISH com a sonda do LTR A barra representa 2,5µm.

## Conclusão

Nossos dados contribuem para o entendimento das características citogenômicas dessa importante espécie praga que podem auxiliar em futuros estudos genômicos.

## Agradecimentos

Ao programa de bolsa de IC PIBIC-CNPq-UNESP 1/2020 (projeto 1167), a CAPES e a FAPESP (processo 2019/19069-7).

Cabral-de-Mello, D. C.; Zrzavá, M. et al. *Front. Genetics*. 2021, 12: 661417.

Traut, W.; Sahara, K.; Marec, F. *Sex development*. 2007, 1(6), 332-346.

Specht, A.; Paula-Moraes, S.V. & Sosa-Gomez, D.R. *Rev Bras Entomologia*. 2015, 59(4), 343-345.