Tamanho do genoma nuclear de espécies de bromélias (Bromeliaceae) da Mata Atlântica

Luiza Saldanha[1], Márcia Goetze[2], Camila Zanella[2], Lyderson Viccini[3], Fernanda Bered[2], Eliane Kaltchuk-Santos[1].

[1] Laboratório de Citogenética Vegetal – UFRGS; [2] Laboratório de Genética Molecular Vegetal – UFRGS
[3]Laboratório de Genética - UFJF

INTRODUÇÃO:

Tamanho do genoma – importante caráter de biodiversidade e de grande interesse em estudos genéticos, ecológicos, taxonômicos e evolutivos.

Diferenças significativas no conteúdo de DNA estão associadas com a diferenciação evolutiva de taxa.

Bromeliaceae – família com cerca de 3.140 espécies das quais quase metade pode ser encontrada no Brasil. Grande número de espécies são vulneráveis devido à coleta predatória e à perda de habitat.

Poucos dados de tamanho de genoma em Bromeliaceae estão disponíveis na literatura.

OBJETIVO:

Estimar o conteúdo de DNA de espécies de bromélias ocorrentes na Mata Atlântica, a fim de incrementar a base de dados para a família e avaliar as variações de tamanho de genoma intra e inter genéricas.

Figura 1. Algumas espécies de bromélias analisadas: a) *Billbergia nutans*; b) *Bromelia antiacantha*; c) *Aechmea bromeliifolia*; d) *Vriesea gigantea*; e) *Vriesea platynema*; f) *Dyckia distachya*.

MATERIAL E MÉTODOS:

Amostras foliares de 42 espécies (Tabela 1) retiradas diretamente da natureza ou de coleções.

Tabela 1. Número de gêneros e espécies coletados por subfamília.

Subfamília	Número de gêneros	Número de espécies
Bromelioideae	11	23
Pitcairnioideae	3	8
Tillandsioideae	1	11

Citometria de fluxo:

- 20mg de folhas frescas maceradas em tampão LB01. - Tecido macerado filtrado e corado com iodeto de propídeo.

- Pelo menos 10.000 núcleos analisados por amostra através do citômetro FACSCalibur.

Médias e os desvios-padrão calculados a partir de três amostras por espécie.

RESULTADOS:

Todas as espécies apresentaram tamanho de genoma pequeno, como esperado, com uma média geral de 1C=0,62pg. O valor descrito na literatura para Bromeliaceae é de 1C=0,59pg.

Os gêneros *Bromelia* e *Dyckia* apresentaram as maiores médias de tamanhos de genoma (1C=0,90pg e 0,79pg, respectivamente), enquanto *Billbergia* apresentou a menor (1C=0,48pg), como mostra a figura 2.

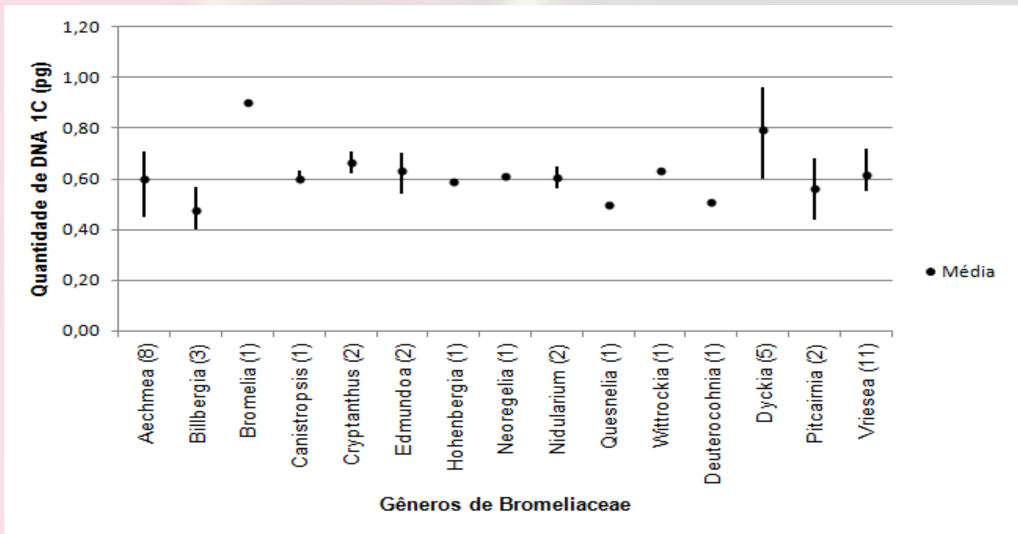

Figura 2. Distribuição dos valores médios de 1C por gênero (entre parênteses o número de espécies analisadas).

Dentre as três subfamílias (figura 3), Pitcairnioideae foi a que apresentou maior quantidade de DNA (1C=0,70pg). Bromelioideae e Pitcairnioideae exibiram uma ampla variação quanto ao tamanho do genoma, diferentemente de Tillandsioideae.

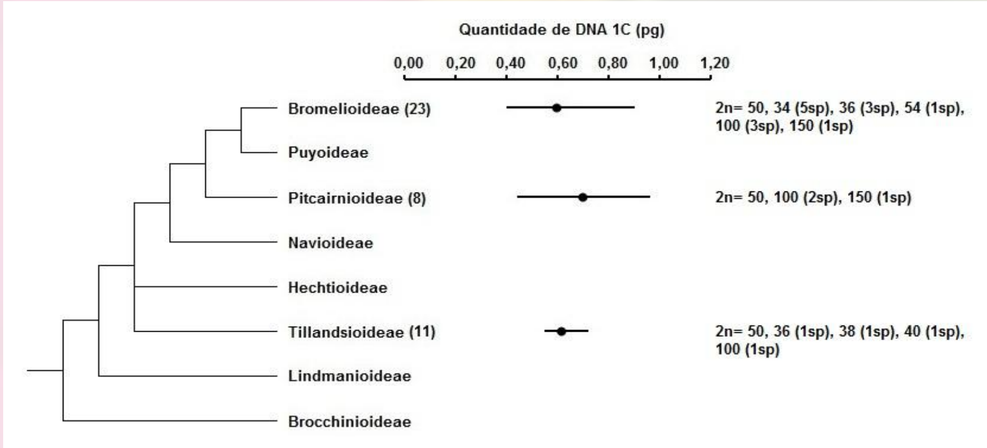

Figura 3. Relação filogenética entre as oito subfamílias (Givnish et al 2011), os valores 1C (médias e variação) para as três subfamílias investigadas e os números cromossômicos referidos na literatura. Entre parênteses o número de espécies quantificadas.

DISCUSSÃO:

De maneira geral, número cromossômico em Bromeliaceae é 2n=50, com x=25. Exceção à algumas espécies como *Cryptanthus* com 2n=34 ou 36. Neste estudo, apenas 14 das espécies possuem este número determinado, sendo todas diplóides, com exceção de *Bromelia antiacantha* que é tetraplóide (2n=100). Assim, de um modo geral a variação no tamanho do genoma não se deveu à poliploidia. Amplificações de seqüências via retrotransposons poderiam explicar tal variação. Na presente amostra, as duas subfamílias mais derivadas apresentaram maior variação 1C, sugerindo processos evolutivos recentes de reestruturação do genoma.

CONCLUSÃO E PERSPECTIVAS:

A avaliação de uma possível associação entre conteúdo de DNA e caracteres morfológicos, ecológicos, geográficos, entre outros, poderá explicar a variação encontrada e a evolução do tamanho de genoma nesta família. Análises neste sentido estão sendo realizadas contemplando ainda outras espécies da família.

UFRGS
CITOGENÉTICA VEGETAL
NGCP Núcleo de Genética e Conservação de Plantas
FAPERGS Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio Grande do Sul