

## Mapeamento citogenético de regiões potencialmente ativas do genoma de pimentas *Capsicum* L.

Lívia do Vale Martins<sup>1</sup>; Lidiane de Lima Feitoza<sup>2</sup>; Ângela Celis de Almeida Lopes<sup>2</sup>; Regina Lúcia Gomes Ferreira<sup>2</sup>; Ana Paula Peron<sup>3</sup>; Reginaldo de Carvalho<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Mestre em Genética e Melhoramento. Universidade Federal do Piauí (UFPI). Centro de Ciências da Natureza (CCA). CEP 64.049-550, Teresina, PI. liviaa\_martins@hotmail.com; <sup>2</sup>Docente. Universidade Federal do Piauí (UFPI). Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento (PPGM). CEP 64.049-550. Teresina, PI. lidiane.feitoza@yahoo.com.br; acalopes@ufpi.edu.br; rlfmgomes@ufpi.edu.br; <sup>3</sup>Docente. Departamento de Ciências Biológicas. Campus Senador Helvídio Nunes de Barros (CSHNB). Universidade Federal do Piauí (UFPI). CEP 64.600-000, Picos, PI. anpapegenpes@hotmail.com; <sup>4</sup>Docente. Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE). Departamento de Biologia/Genética. CEP: 52171-900. Recife, Pernambuco. reginaldo.ufrpe@gmail.com

**Palavras-chave:** *Capsicum*, coloração convencional, fluorocromos CMA e DAPI, imunocoloração, anti-H4K5ac

### Introdução

As pimentas *Capsicum* L., parte da riqueza cultural brasileira e um valioso patrimônio genético da nossa biodiversidade, apresentam grande importância socioeconômica, industrial, ornamental e nutracêutica. Apesar da sua reconhecida importância, o conhecimento biológico destas solanáceas ainda é considerado incipiente, necessitando de mais estudos envolvendo análises moleculares, agrônomicas, bioquímicas e citogenéticas, sendo esta última uma ferramenta expressiva para a caracterização citológica das espécies, sua identificação e seu agrupamento taxonômico (Costa e Henz, 2012). O trabalho objetivou fornecer informações acerca dos recursos genéticos presentes no Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* da Universidade Federal do Piauí (BAGC-UFPI), e para uma melhor compreensão quanto aos padrões da estrutura da cromatina do gênero *Capsicum*.

### Materiais e Métodos

Cinco acessos de *Capsicum* domesticadas (BAGC 104 – *C. baccatum* ver. *pendulum*, 111 – *C. chinense*, 191 – *C. frutescens*, 193 – *C. chinense* e 194 – *C. baccatum* ver. *pendulum*) pertencentes ao BAGC-UFPI foram analisados através das técnicas de coloração convencional (Guerra, 1983), bandeamento com fluorocromos CMA/DAPI (Schweizer e Ambros, 1994) e a técnica de imunocoloração utilizando anticorpos contra histonas modificadas anti-H4K5ac (Feitoza e Guerra, 2011).

### Resultados e Discussão

A análise cariotípica dos acessos por meio da técnica de coloração convencional com Giemsa permitiu identificar o padrão de condensação profásico, apresentando cromatina proximal de condensação precoce e cromatina terminal de condensação tardia, com regiões mais descondensadas. Já através da técnica de bandeamento com fluorocromos CMA/DAPI, foi observado um padrão heterocromático de bandas CMA localizadas nas regiões mais terminais dos cromossomos, variando de 4 (BAGC 111 e 193) a 18 bandas (BAGC 194). A marcação com anti-H4K5ac, por sua vez, ocorreu na eucromatina terminal descondensada dos cromossomos desde prófase até metáfase bem condensada, não apresentando relação com as fases do ciclo celular.

A distribuição das regiões hiperacetiladas coincide, portanto, com as regiões eucromáticas tardiamente condensadas observadas pela coloração convencional, enquanto blocos de cromatina profásica precocemente condensada e de heterocromatina são hipoacetilados independentemente da sua localização, sugerindo que o padrão de acetilação é inversamente relacionado ao padrão heterocromático de bandas CMA/DAPI (Dhar et al., 2009).

Uma vez que a acetilação de histonas H4 na lisina 5 é uma marca universalmente associada à expressão gênica, acreditamos que este padrão de marcação na eucromatina mais descompactada apresente certa correlação com as regiões mais ricas em genes e potencialmente ativas dos cromossomos de *Capsicum*, similar ao sugerido para outros grupos de plantas, como *Solanum lycopersicum*, *Silene*, *Allium cepa* e em várias outras espécies com padrão de condensação já conhecidos (Houben et al., 2006).

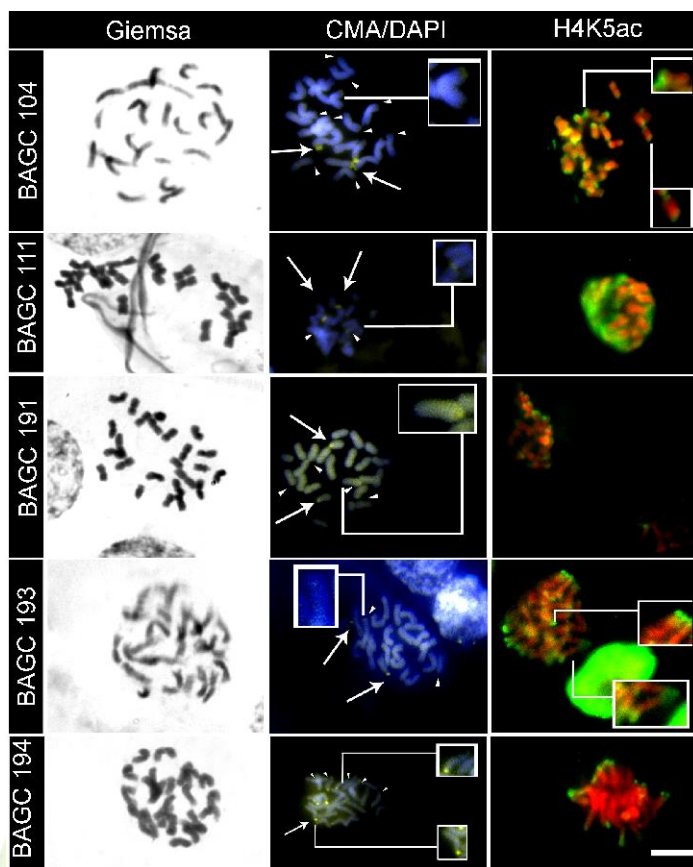


Figura 1- Análise cariotípica em cinco acessos de *Capsicum* pertencentes ao BAGC-UFPI, através das técnicas de coloração convencional com Giemsa, dupla coloração CMA/DAPI e imunocoloração com anti-H4K5ac. Barra= 10µm.

### Conclusão

Os dados obtidos são de grande relevância aos programas de melhoramento genético de *Capsicum*, pois fornecem informações genéticas importantes acerca da estrutura da cromatina e a identificação de regiões cromossômicas provavelmente ricas em genes, proporcionando assim subsídios aos programas de melhoramento genético voltados para o gênero, como na identificação e identificação de acessos em bancos de germoplasma, no auxílio do cruzamento entre táxons específicos, visando o cruzamento de espécies com propriedades nutricionais, organolépticas e mais resistentes a fatores bióticos e abióticos.

### Referências

COSTA, C.S.R.; HENZ, G. P. Pimenta (*Capsicum* spp.). In: Embrapa Hortaliças, sistemas de Produção 2 Brasília, Distrito Federal, Brasil. 2012.

DHAR, M. K.; FUCHS, J.; HOUBEN, A. Distribution of Eu- and Heterochromatin in *Plantago ovata*. **Cytogenetic and Genome Research**, v. 125, n. 3, p. 235-240, 2009.

HOUBEN, A.; BELYAEV, N. D.; TURNER, B. M.; SCHUBERT, I. Differential immunostaining of plant chromosome by antibodies recognizing acetylated histone H4 variants. **Chromosoma**, v.4, p.191-194. 2006.