

Simpósio de Integração Acadêmica

“Ciências Básicas para o Desenvolvimento Sustentável”

SIA UFV 2023

UFV
Universidade Federal
de Viçosa

CITOGENÔMICA COMPARATIVA DOS GENES *xmt* (xantosinometiltransferase), *mxmt* (7-metilxantina metiltransferase) E *dxmt* (3,7-dimetilxantina metiltransferase) DA VIA DE BIOSÍNTESE DA CAFEÍNA EM *Coffea* L.

Sofia Lopes Isenmann¹ (sofia.isenmann@ufv.br), Wellington Ronildo Clarindo¹ (well.clarindo@ufv.br) e Verônica da Costa Saraiva¹ (veronica.saraiva@ufv.br)
1 - Departamento de Biologia Geral (DBG), Universidade Federal de Viçosa

Grande área e área temática: Ciências Biológicas e da Saúde – Genética / Categoria: Pesquisa
Palavras-chave: café, cromossomos, mapeamento.

Introdução

No gênero *Coffea*, o mapeamento citogenético tem sido conduzido com foco em estudos comparativos e de sintenia, possibilitando uma melhor compreensão acerca da evolução dos genomas. Os genes envolvidos na via de biossíntese da cafeína pertencem à classe de *N*-metiltransferases (*nmt*): *xantosinometiltransferase* (*xmt*), *7-metilxantina transferase* (*mxmt*) e *3,7-dimetilxantina metiltransferase* (*dxmt*)¹.

Objetivos

Determinar o número de cópias e mapear os genes *xmt*, *mxmt* e *dxmt*, utilizando uma única sonda, nos cromossomos mitóticos de *Coffea* diploides, *C. eugenioides* e *C. canephora*, e do alotetraploide verdadeiro *C. arabica*.

Material e Método

Lâminas foram confeccionadas a partir de calos friáveis, os quais foram induzidos *in vitro* a partir de folhas das três espécies. As lâminas foram analisadas em microscópio de contraste de fase e, assim, selecionadas com base no número de prometáfases e metáfases e na morfologia dos cromossomos mitóticos. A hibridização *in situ* foi conduzida nos núcleos interfásicos para determinação do número de cópias dos genes e, simultaneamente, nas prometáfases e metáfases para citogenômica.

Resultados e Discussão

Em *C. canephora* foi identificada uma cópia do gene *dxmt2*, *C. eugenioides* apresentou uma cópia do gene *dxmt1* e em *C. arabica* foram encontrados quatro sinais de hibridização, evidenciando uma cópia do *dxmt1* e uma cópia do *dxmt2*. Os dados levantados confirmam que a origem de *C. arabica* advém do cruzamento entre *C. eugenioides* e *C. canephora*.

Bibliografia

1. Perrois C, Strickler S R, Mathieu G, Lepelley M, Bedon L, Michaux S et al (2015) Differential regulation of caffeine metabolism in *Coffea arabica* (Arabica) and *Coffea canephora* (Robusta). *Planta* 241:179–191. <https://doi.org/10.1007/s00425-014-2170-7>

Apoio financeiro e agradecimentos

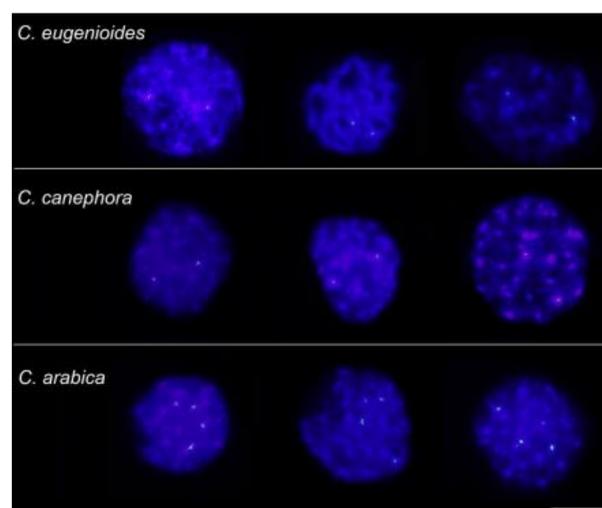


Figura 1. Sinais de hibridização dos genes *dxmt1* e *dxmt2* em núcleos interfásicos de *Coffea*.

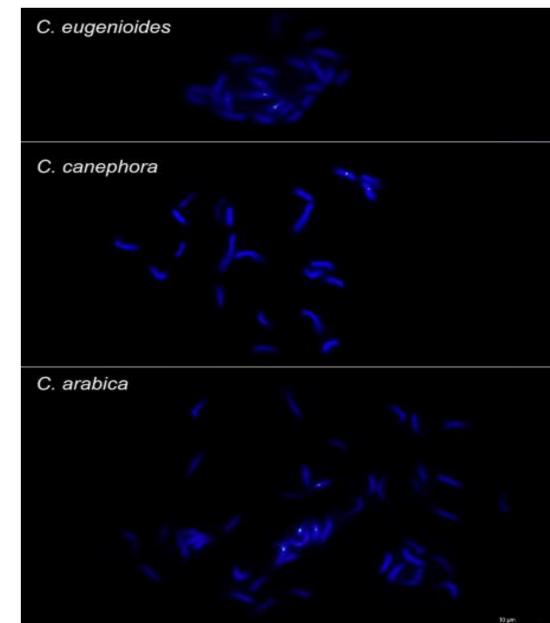


Figura 2. Mapeamento dos genes *dxmt1* e *dxmt2* em cromossomos metafásicos de *Coffea*.

O mapeamento dos genes revelou estarem localizados na região intersticial do braço longo de cromossomos submetacêntricos, ainda que o número do cromossomo não tenha sido determinado.

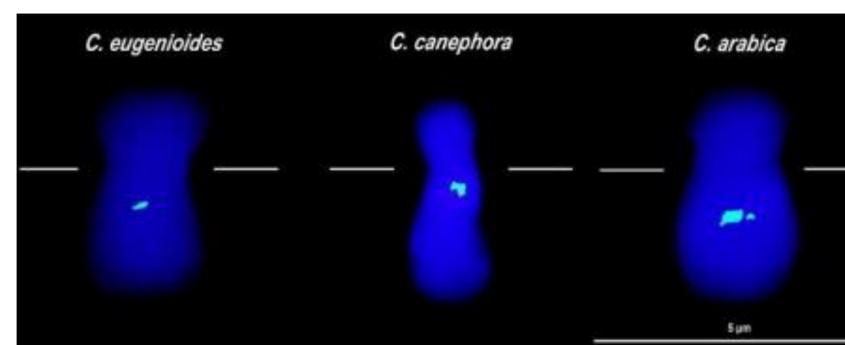


Figura 3. Cromossomos metafásicos de *Coffea* com sinais de hibridização para *dxmt1* e *dxmt2* na região intersticial do braço longo.

Conclusões

Pela primeira vez, os genes *dxmt1* e *dxmt2* foram fisicamente mapeados em cromossomos metafásicos de *C. arabica*, *C. canephora* e *C. eugenioides*. O número de cópias foi determinado, sendo uma cópia de *dxmt1* em *C. eugenioides*, uma cópia de *dxmt2* em *C. canephora* e uma cópia de cada em *C. arabica*. Ademais, a localização dos genes foi elucidada. Os dados obtidos contribuem para com as análises citogenômicas, no estudo molecular e no entendimento da evolução do gênero *Coffea*.