

Análise citogenômica da distribuição das sequências de DNA repetitivo no cariótipo bimodal do *Agave* híbrido 11648

Lamonier Chaves Ramos^{1,2}, Mariana Báez², Andreas Houben³, José Jaime Vasconcelos
Cavalcanti⁴, Reginaldo de Carvalho¹, Andrea Pedrosa-Harand²

¹Laboratório de Citogenética Vegetal, Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Departamento de Agronomia, Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, Pernambuco, Brasil.

²Laboratório de Citogenética e Evolução Vegetal, Departamento de Botânica, Universidade Federal de Pernambuco, Recife, PE, Brasil.

³Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Gatersleben, Germany

⁴Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa Algodão, Campina Grande, Paraíba, Brasil

Resumo

O gênero *Agave* apresenta um cariótipo bimodal com número cromossômico base $x = 30$ ($5L + 25S$). A bimodalidade dentro deste gênero é geralmente atribuída à alopoliploidia no ancestral da subfamília Agavoideae. No entanto, mecanismos alternativos como o acúmulo preferencial de elementos repetitivos no grande conjunto de cromossomos também podem ser importantes na evolução desse cariótipo. Com o objetivo de compreender o papel do DNA repetitivo dentro do cariótipo bimodal de *Agave*, o DNA genômico do híbrido comercial 11648 ($2n = 2x = 60$, 8,35 Mbp) foi sequenciado com baixa cobertura e a fração repetitiva caracterizada. A análise repetitiva *in silico* mostrou ~ 67,6% do genoma composto por diferentes retrotransposons, principalmente linhagens LTR, e uma família de DNA satélite (AgSat171) entre as repetições mais abundantes. Os sete elementos mais abundantes foram hibridizados *in situ* em metáfases mitóticas no híbrido *Agave* 11648. O AgSat171 foi localizado em regiões centroméricas de todos os cromossomos do complemento; no entanto, sinais fortes foram observados em 20 deles. Todos os elementos transponíveis mostraram uma distribuição dispersa em todos os cromossomos, mas não uniforme em todo o comprimento dos cromossomos. Diferentes padrões de distribuição foram observados para diferentes linhagens, com maior acúmulo nos grandes pares de cromossomos. Em conjunto, os dados indicam o acúmulo diferencial das diferentes linhagens de retrotransposons LTR nos grandes pares, provavelmente contribuindo para a

bimodalidade do gênero. No entanto, o acúmulo diferencial do AgSat171 em um grupo de cromossomos grandes e pequenos provavelmente reflete a origem híbrida desse acesso de *Agave*. Esta repetição tem um uso potencial para auxiliar em futuros programas de melhoramento.

Palavras-chave: sisal, DNA satélite, elementos transponíveis

Cytogenomic analysis of the distribution of repetitive DNA sequences in the bimodal karyotype of the hybrid *Agave* 11648

Abstract

The genus *Agave* presents a bimodal karyotype with a base chromosome number $x = 30$ (5L+25S). Bimodality within this genus is generally attribute to allopolyploidy in the ancestral of the subfamily Agavoideae. However, alternative mechanisms as the preferential accumulation of repetitive elements at the large chromosome set could also be important in the evolution of this karyotype. Aiming to understand the role of repetitive DNA within the bimodal karyotype of *Agave*, genomic DNA from the commercial hybrid 11648 ($2n = 2x = 60$, 8.35 Mbp) was sequenced at low coverage and the repetitive fraction was characterized. The repetitive *in silico* analysis showed ~67.6% of the genome composed of different retrotransposons, mainly LTR lineages, and one satellite DNA family (AgSat171) among the most abundant repeats. The seven most abundant elements were hybridized *in situ* at mitotic metaphases in the *Agave* hybrid 11648. The satellite DNA was localized at centromeric regions of all chromosomes of the complement; however, strong signals were observed for 20 of them. All transposable elements showed a dispersed distribution in all chromosomes, but not uniform across the length of the chromosomes. Different distribution patterns were observed for different lineages, with larger accumulation at the large chromosome pairs. Altogether, the data indicate the differential accumulation of the different LTR retrotransposons lineages at the large pairs, probably contributing to the bimodality of the genus. Nevertheless, the differential accumulation of the AgSat171 in one group of large and small chromosomes likely reflects the hybrid origin of this *Agave* accession. This repeat have a potential use to assist in future breeding programs.

Key words: sisal, satellite DNA, transposable elements