

## OCORRÊNCIA DE REGIÕES REPETITIVAS EM TRANSCRITOS DE TRIGO

MENEGUSSI, Bruno<sup>1</sup>; HAGEMANN, Thaís<sup>1</sup>; FINATTO, Taciane<sup>1</sup>; MAIA, Luciano Carlos da<sup>1</sup>; COSTA DE OLIVEIRA, Antônio<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Centro de Genômica e Fitomelhoramento, Departamento de Fitotecnia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas. Campus Universitário s/n, Pelotas-RS, CEP 96001-970.

### 1 INTRODUÇÃO

O trigo (*Triticum aestivum* L.) é uma espécie hexaplóide, com três genomas estreitamente relacionados (A, B, D), cada um com sete cromossomos ( $2n=6x=42$ ), é um dos cereais mais cultivados no mundo, juntamente com o milho e o arroz, no Brasil, sua produção está concentrada principalmente nos estados do Rio Grande do Sul e Paraná (FEDERIZZI, *et al.*, 2005). A associação do melhoramento vegetal com base nas características fenotípicas, aliado aos marcadores moleculares como, por exemplo, os microssatélites possibilitam a seleção indireta de caracteres que apresentam dificuldade de observação nos primeiros estádios de seleção podendo acelerar a seleção das novas gerações e facilitar os processos do melhoramento convencional (MAIA, *et al.*, 2007). Microssatélites ou SSRs (*simple sequence repeat*) são seqüências de DNA formadas pela disposição em série de nucleotídeos repetidos em arranjos formados entre dois e seis pares de bases (MORGANTE & OLIVIERI, 1993) e devido suas características como marcadores moleculares, se tornaram uma importante ferramenta para ligar variações gênicas a variações do fenótipo (MAIA, *et al.*, 2007).

O objetivo do trabalho foi buscar *in silico* marcadores microssatélites em regiões expressas nos distintos genomas e cromossomos do trigo (*T. aestivum*) para serem utilizados no mapeamento da característica rendimento de grãos.

### 2 MATERIAL E MÉTODOS

Com base no banco de dados do site *Gramene* (<http://www.gramene.org>), foram localizadas seqüências expressas (ESTs – *Express Sequence Tag*) pertencentes a cada cromossomo do trigo (1A, 1B, 1D, 2A, 2B, 2D, 3A, 3B, 3D, 4A, 4B, 4D, 5A, 5B, 5D, 6A, 6B, 6D, 7A, 7B e 7 D). Posteriormente buscou-se os locos microssatélites nessas sequencias, com a utilização do programa SSRlocator (MAIA, *et al.*, 2008). As seqüências encontradas foram também agrupadas de acordo com o genoma (A, B e D) e em seguida analisadas pelo mesmo programa, para avaliar a quantidade final de locus microssatélites por genoma.

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÕES

Microssatélites do tipo trímeros foram os mais abundantes, sendo que a maior porcentagem de locos microssatélites foi observada nos cromossomos 1A, 1B, 1D, 2B, 5D e 6A com 63,33%, 100%, 87,5%, 60%, 62% e 60%,

respectivamente (Tabela 1). Podemos observar que o cromossomo 1B apresenta regiões microssatélites composta apenas por motivos do tipo trímeros. Com relação aos genomas (Figura 1), o que apresentou maior número de motivos microssatélites foi o grupo AA, em sua maioria do tipo trímeros e tetrâmeros. Os motivos trímeros são mais presentes pelo fato deste trabalho utilizar seqüências expressas, oriundas de genes onde estão os códons que codificam para a formação de aminoácidos. Podemos observar na figura 2 que a ocorrência total de motivos trímeros totaliza quase 50% de todas as regiões microssatélites localizadas. Podemos ressaltar também a ocorrência dos motivos com quatro pares de bases, que soma quase 30% de todos os microssatélites presentes. Estes resultados são parciais, já que foram analisadas apenas 1.410 seqüências. Houve uma relação de 2,5 motivos microssatélites por seqüência no genoma AA, e 2,91 no genoma DD, já o genoma BB foi o que apresentou menor relação, com 2,42 motivos microssatélites encontrados por seqüência de ESTs analisadas.

#### 4 CONCLUSÕES

Microssatélites de motivos trímeros foram mais freqüentes em regiões expressas do genoma do trigo sendo que as maiores quantidades de locos microssatélites estão no genoma AA. Com base nestes dados foram desenvolvidos marcadores moleculares os quais serão utilizados em estudos de mapeamento de caracteres de interesse agrônômico, como o rendimento de grãos.

#### 5 REFERÊNCIAS

SALLES, G.; BUSO, C. **Protocolo para desenvolvimento de marcadores microssatélites**. Comunicado Técnico. Emprapa, 2003.

FEDERIZZI, Luiz C. et al. Melhoramento do Trigo. In: **Melhoramento de Espécies Cultivadas**. BORÉM, A. EditoraUFV, 2005.

MAIA, L.C. **DESENVOLVIMENTO DE FERRAMENTA E ANÁLISE IN SILICO DA OCORRÊNCIA DE MICROSSATÉLITES (SINGLE SEQUENCE REPEAT) NO GENOMA DO ARROZ**. Dissertação (Mestrado) - Curso de Agronomia, Departamento de Fitotecnia, Ufpel, 120 f. Pelotas, 2007.

MAIA L.C.; PALMIERI, D.A.; DE SOUZA, V.Q.; KOPP, M.M.; DE CARVALHO, F.I.; COSTA DE OLIVEIRA, A. SSR Locator: Tool for Simple Sequence Repeat Discovery Integrated with Primer Design and PCR Simulation. **International Journal of Plant Genomics**, 9 p., 2008.

MORGANTE, M.; OLIVIERI, A.M. PCR-amplified microsatellites as markers in plant genetics. **The Plant Journal**. v.3, n.1, p.175-182, 1993.

Tabela 1. Motivos microsatélites encontrados nos cromossomos do genoma do trigo (*T. aestivum* L.), classificados em monômeros, dímeros, trímeros, tetrâmeros, pentâmeros, hexâmeros. CGF-FAEM/UFPel, 2010.

Cromossomos	Motivos (%)				
	Di	Tri	Tetra	Penta	Hexa
1A	3,33	63,33	20,00	10,00	3,33
1B	0,00	100,00	0,00	0,00	0,00
1D	0,00	87,50	12,50	0,00	0,00
2A	11,11	55,56	33,33	0,00	0,00
2B	0,00	60,00	0,00	20,00	20,00
2D	33,33	44,44	11,11	11,11	0,00
3A	9,68	45,16	22,58	6,45	16,13
3B	14,29	14,29	57,14	14,29	0,00
3D	12,50	18,75	50,00	0,00	18,75
4A	12,50	37,50	25,00	12,50	12,50
4B	0,00	42,86	57,14	0,00	0,00
4D	11,11	22,22	55,56	0,00	11,11
5A	0,00	37,50	50,00	12,50	0,00
5B	25,00	41,67	25,00	0,00	8,33
5D	0,00	62,50	37,50	0,00	0,00
6A	10,00	60,00	10,00	0,00	20,00
6B	0,00	66,67	0,00	0,00	33,33
6D	25,00	25,00	50,00	0,00	0,00
7A	8,33	41,67	33,33	8,33	8,33
7B	13,33	53,33	26,67	0,00	6,67
7D	18,18	54,55	9,09	9,09	9,09

Figura 1. Motivos microsatélites, expressos em porcentagem encontrados nos genomas (AA, BB e DD) do trigo (*T. aestivum* L.), classificados em, dímeros, trímeros, tetrâmeros, pentâmeros, hexâmeros CGF-FAEM/UFPeI, 2010.

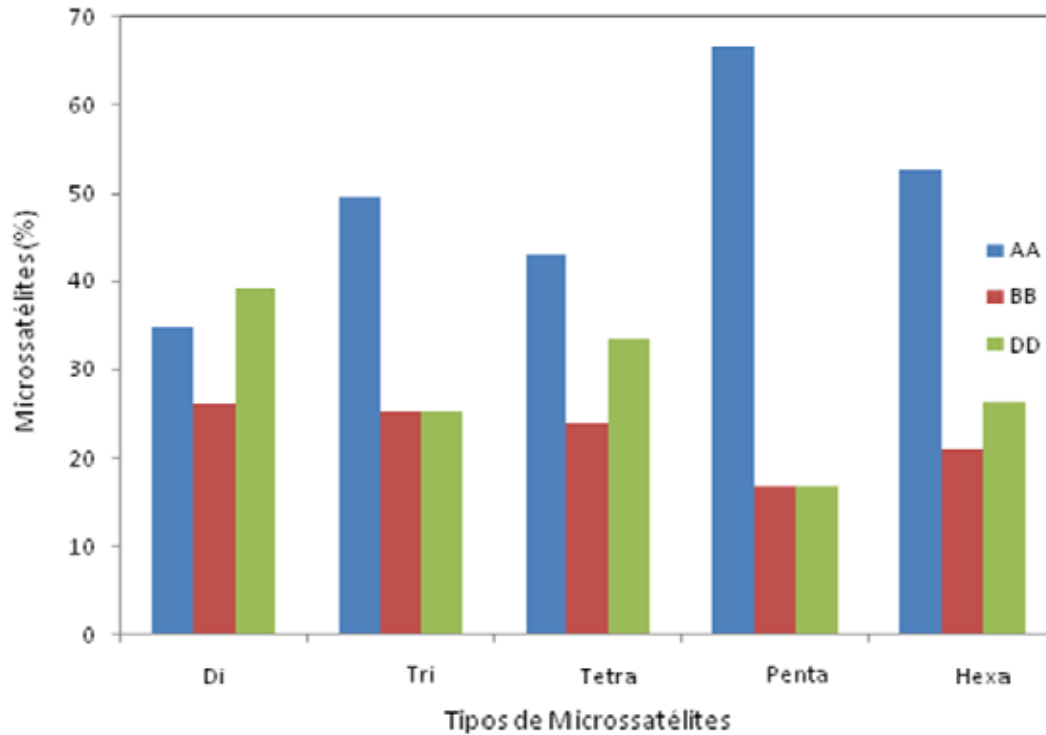


Figura 2. Porcentagem total de motivos microsatélites encontrados no genoma do trigo (*T. aestivum* L.), classificados em monômeros, dímeros, trímeros, tetrâmeros, pentâmeros, hexâmeros. CGF-FAEM/UFPeI, 2010.

