

## DISTRIBUIÇÃO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES EM SUBGENOMAS DE *Triticum aestivum* L.

GILBERTO CASTRO DE REZENDE ZSCHABER<sup>1</sup>; RODRIGO PAGEL MACHADO<sup>2</sup>;  
LUCIANO CARLOS DA MAIA<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Pelotas – gilcrz@gmail.com

<sup>2</sup>Universidade Federal de Pelotas – R.p.machado1998@hotmail.com

<sup>3</sup>Universidade Federal de Pelotas – lucianoc.maia@gmail.com

### 1. INTRODUÇÃO

Marcadores moleculares do tipo SSR (*Simple Sequence Repeats*) ou microssatélites são sequências simples repetidas que consistem de um a seis pares de bases encontradas na maioria das espécies (TAUTZ, 1989; WEBER & MAY, 1989).

Diversas áreas da genética de espécies cultivadas e silvestres têm se beneficiado do uso de marcadores moleculares, incluindo a identificação da origem parental, definição de linhagens, elaboração de mapas genéticos, análise de germoplasma e populações de melhoramento. Além disso, eles são usados para a estimativa de diversidade ou similaridade genética (AGARWAL *et al.*, 2008). Neste contexto, os microssatélites são amplamente utilizados para a determinação da diversidade genética de várias espécies.

O trigo (*Triticum aestivum* L.) é um dos cereais mais importantes do mundo, fundamental para a segurança alimentar global. Essa relevância econômica e nutricional justifica o foco de intensos programas de melhoramento genético, que visam aumentar a produtividade e a resistência da cultura a doenças e estresses ambientais (SHARMA; YADAV; YADAV, 2023).

A complexidade genética do trigo, contudo, torna o melhoramento convencional um processo lento e desafiador. Nesse contexto, os marcadores moleculares do tipo SSR são ferramentas poderosas. A associação desses marcadores ao trigo permite o uso da seleção assistida por marcadores (MAS) (AGARWAL *et al.*, 2008; TAUTZ, 1989).

Este trabalho tem como objetivo caracterizar a ocorrência de marcadores moleculares microssatélites no genoma de *T. aestivum*, avaliar a abundância e distribuição dessas repetições nos cromossomos.

### 2. METODOLOGIA

Arquivos formato fasta contendo as pseudomoléculas (sequências de DNA dos cromossomos) do genoma e arquivos txt contendo dados de anotação (genes, ítrons, exons, CDSs e UTRs) do *T. aestivum* (AABBDD,  $2n = 42$ ) foram obtidos no repositório público Ensembl. Sequências classificadas como (scaffolds) foram desconsideradas para garantir a precisão da análise cromossômica.

A identificação dos microssatélites foi realizada com o software KRAIT (CHEN *et al.*, 2017), seguindo os parâmetros de detecção estabelecidos por Maia *et al.* (2008): foram consideradas 12 repetições para monômeros, sete para dímeros, cinco para trímeros e quatro para tetrâmeros, pentâmeros e hexâmeros.

A análise da densidade e da distribuição dos microssatélites foi conduzida em etapas posteriores. A manipulação e a filtragem dos dados foram executadas com o

programa R, utilizando o pacote dplyr (WICKHAM *et al.*, 2023). Para a representação visual da distribuição genômica dos SSRs, foram gerados mapas circulares com o pacote circlize (GU *et al.*, 2014).

A densidade dos microssatélites foi calculada a cada 10.000 pares de bases (pb), e os padrões de distribuição foram visualizados em gráficos comparativos para os subgenomas A, B e D.

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de microssatélites no genoma do trigo revelou uma distribuição desigual entre os subgenomas. No genoma B foi encontrado o maior número de locos (381.556) e maior densidade (um a cada 13.763 pb). Em seguida, o genoma A com 358.513 microssatélites e densidade média de um loco a cada 13.765 pb. Já para o genoma D, por sua vez, foi encontrado a menor quantidade de microssatélites (276.581), resultando na menor densidade observada (um a cada 14.285 pb) (Tabela 1).

**Tabela 1** – Tamanho do genoma, número total, distância média e proporção de microssatélites em relação ao tamanho total do genoma o genoma do *Triticum aestivum*. CGF – UFPel, 2025.

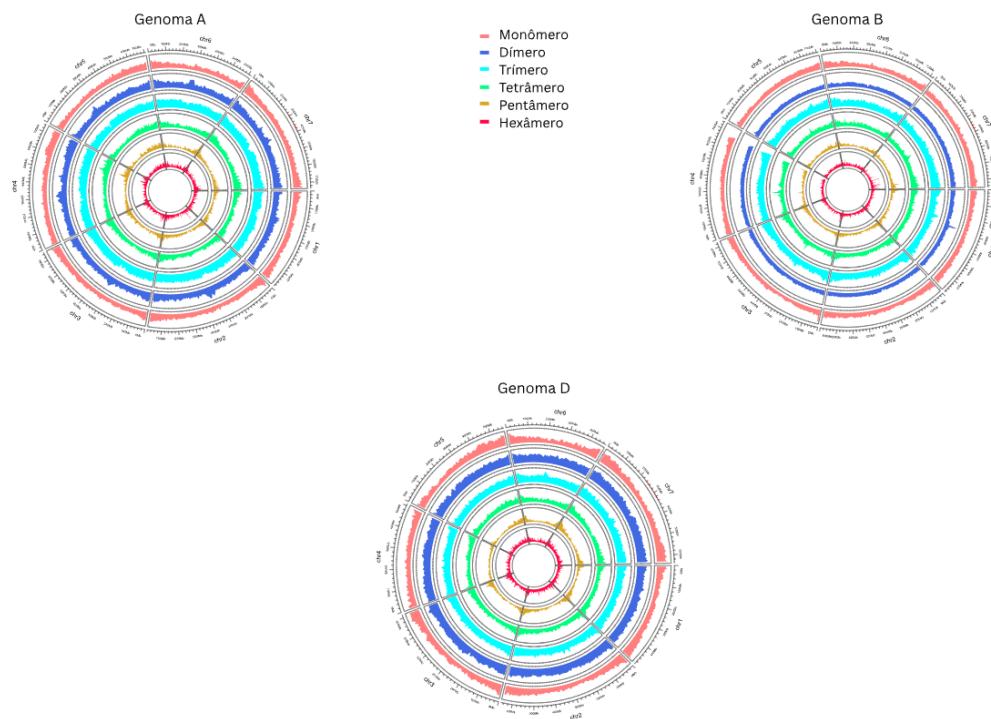
Sub-genoma	Tamanho Genoma em pb	Total de SSRs	Distância media entre SSR em pb
<i>Triticum aestivum</i> A	4.934.891.648	358.513	13.765
<i>Triticum aestivum</i> B	5.251.285.126	381.556	13.763
<i>Triticum aestivum</i> D	3.951.074.735	276.581	14.285

\*O tamanho do genoma corresponde ao número total de pares de bases. O total de SSRs representa a quantidade de ocorrências identificados em cada genoma. A distância média foi obtida pela razão entre o tamanho do genoma e o total de microssatélites.

A análise mostrou que o genoma B têm a maior quantidade de todos os tipos de microssatélites (41.298 monômeros; 169.524 dímeros; 122.335 trímeros; 38.370 tetrâmeros; 5.645 pentâmeros e 4.384 hexâmeros). Em contrapartida, o genoma D teve o menor número para a maioria dos tipos (26.968 monômeros; 115.481 dímeros; 97.028 trímeros; 28.227 tetrâmeros e 3.513 hexâmeros), com exceção dos pentâmeros. No genoma A, foram identificados valores intermediários, totalizando 39.222 monômeros, 157.794 dímeros, 115.860 trímeros, 36.443 tetrâmeros, 5.017 pentâmeros e 4.177 hexâmeros (Tabela 2).

**Tabela 2** - Frequência dos tipos de motivos de microssatélites (1-mer a 6-mer) identificados em cada subgenoma de *Triticum aestivum*. CGF – UFPel, 2024.

Genomas	SSRs						Total
	Mono-	Di-	Tri-	Tetra-	Penta-	Hexa-	
<i>T. aestivum</i> A	39.222	157.794	115.860	36.443	5.017	4.177	358.513
<i>T. aestivum</i> B	41.298	169.524	122.335	38.370	5.645	4.384	381.556
<i>T. aestivum</i> D	26.968	115.481	97.028	28.227	5.364	3.513	276.581
Total	107.488	442.799	335.223	103.040	16.026	12.074	1.016.650



**Figura 1:** Distribuição de tipos de microssatélites por cromossomo nos sub-genomas A, B e D no *Triticum aestivum*. CGF – UFPel, 2024.

#### 4. CONCLUSÕES

O mapeamento detalhado dos microssatélites nos subgenomas A, B e D do trigo, permite concluir que a distância média entre ocorrências de locos microssatélites é muita parecida entre os três sub-genomas. Além disso é possível indicar que os motivos do tipo dímero são os mais abundantes. As informações servem como base para a indicar a cobertura genômica desses marcadores para futuros estudos de variabilidade genética e/ou para a aplicação na seleção assistida.

#### 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGARWAL, M.; SHRIVASTAVA, N.; PADH, H. Advances in molecular markers and their applications in plant improvement. *Plant Cell Reports*, v. 27, n. 4, p. 617–631, 2008.

ALI, Y. et al. Genetic variability, association and diversity studies in wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm. *Pakistan Journal of Botany*, Karachi, v. 40, n. 5, p. 2087–2097, 2008. Disponível em: [https://www.pakbs.org/pjbot/PDFs/40\(5\)/PJB40\(5\)2087.pdf](https://www.pakbs.org/pjbot/PDFs/40(5)/PJB40(5)2087.pdf). Acesso em: 16 ago. 2025.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Aplicabilidade de marcadores SSR em estudos genéticos de *Gossypium mustelinum*. Brasília, DF: MAPA, 2007. (Comunicado Técnico, nº 345).

CHEN, Z. et al. Krait: An ultrafast tool for genome-wide survey of microsatellites and primer design. *Bioinformatics*, Oxford, v. 33, n. 24, p. 3858–3860, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btx665>. Acesso em: 16 ago. 2025.

EMBL-EBI. *Triticum aestivum* – Ensembl Plants. [s.d.]. Disponível em: [https://plants.ensembl.org/Triticum\\_aestivum/Info/Index](https://plants.ensembl.org/Triticum_aestivum/Info/Index). Acesso em: 16 ago. 2025.

FALTERMAIER, A. et al. Common wheat (*Triticum aestivum* L.) and its use as a brewing cereal – a review. *Journal of the Institute of Brewing*, v. 120, n. 1, p. 1–15, jan. 2014.

GU, Z. et al. circlize: An R package for circular visualization of genomic data. *Bioinformatics*, Oxford, v. 30, n. 19, p. 2784–2786, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu393>. Acesso em: 16 ago. 2025.

MAIA, L. C. et al. SSR Locator: Tool for Simple Sequence Repeat Discovery. *BMC Bioinformatics*, v. 9, n. 230, p. 1–13, 2008. DOI: <https://doi.org/10.1186/1471-2105-9-230>. Acesso em: 16 ago. 2025.

SHARMA, I.; YADAV, V.; YADAV, R. Molecular markers and their applications in marker-assisted selection (MAS) in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Agriculture*, [s.l.], v. 13, n. 4, p. 950, 2023. DOI: <https://doi.org/10.3390/agriculture13040950>. Acesso em: 23 ago. 2025.

TAUTZ, D. Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. *Nucleic Acids Research*, v. 17, n. 16, p. 6463–6471, 1989.

UDITVASHISHT. split-fasta. [s.d.]. Disponível em: <https://github.com/uditvashisht/split-fasta/blob/master/splifasta/main.py>. Acesso em: 16 ago. 2025.

WICKHAM, H. et al. Welcome to the Tidyverse. *Journal of Open-Source Software*, [s.l.], v. 8, n. 86, p. 5738, 2023.