

UFPE, Campus Recife (PE), 30/07 a 02/08/2018

Big Data: Desafios da Bioinformática



III Simpósio Norte e Nordeste de Bioinformática

ANAIS 2018

Organização



Recife-PE
2018



Genes e genômica

ANÁLISE DO SATELITOMA EM PASSIFLORA L. (PASSIFLORACEAE)

Autores: Mariela Analia Sader¹; Magdalena Vaio Sevrtzoff²; Luiz Augusto Cauz dos Santos³; Maria Lúcia Carneiro Vieira³; Marcelo Carnier Dornelas⁴; Nataniel Franklin de Melo⁵; Andrea Pedrosa-Harand¹;

E-mail para correspondência: mariela_sader@yahoo.com.ar

Instituições: ¹Laboratório de Citogenética e Evolução Vegetal, Departamento de Botânica, Universidade Federal de Pernambuco, Recife, Brasil.; ²Laboratorio de Evolución y Domesticación de Plantas, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay.; ³Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Departamento de Genética, Universidade de São Paulo, Piracicaba, Brasil.; ⁴Instituto de Biologia, Departamento de Fisiologia Vegetal, Universidade Estadual de Campinas.; ⁵Laboratório de Biotecnologia, Embrapa Semiárido, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária;

Palavras-chave: DNA satélite; Tamanho genômico; SatMiner

Apoio: FACEPE

O DNA nuclear é constituído por sequências codificadoras de cópia única assim como por várias classes de sequências de DNA repetitivo. O DNA repetitivo forma uma grande parte dos genomas de plantas, podendo constituir aproximadamente 80% do mesmo, e pode se diferenciar em sequências dispostas em *tandem*, as sequências de DNA satélite (DNAsat), ou as dispersas no genoma, os elementos transponíveis. A coleção de diferentes famílias de DNAsat em um genoma é chamada de satelitoma. As espécies do gênero *Passiflora* apresentam uma ampla variação no tamanho, número cromossômico e conteúdo de DNA. Nenhuma sequência de DNAsat foi descrita até o momento no gênero. Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi determinar o satelitoma de três espécies do gênero para ser utilizadas como marcadores cromossômicos no estudo da evolução cromossômica do gênero: *P. quadrangularis* ($2n = 18$; $2C = 2.680$ pg) conhecida como maracujá gigante, com o maior genoma conhecido; *P. cincinnata*, o maracujá do mato ($2n = 18$; 2.202 pg); e *P. organensis* ($2n = 12$; 0.404 pg), com o menor genoma. Para isso utilizamos uma análise de cluster do pipeline RepeatExplorer combinado com a estratégia do Satminer. As sequências selecionadas foram analisadas no programa Geneious v.7.1.9 e classificadas de acordo com homologia de sequência e tamanho da unidade de repetição. Encontramos 45 DNAsats distintos nas três espécies, sendo seis para *P. quadrangularis*, dois para *P. cincinnata* e trinta e sete para *P. organensis*. Os satélites variaram quanto ao tamanho da unidade de repetição (entre 52 e 3100 pb) e em abundância estimada no genoma. Além de maior diversidade, *P. organensis* também apresentou a maior proporção de DNAsat, mostrando não ser o satelitoma das espécies a fração responsável pelos distintos tamanhos genômicos. Para todas as sequências classificadas foram desenhados *primers* para posterior amplificação de sondas para ser utilizadas nas futuras análises de evolução cromossômica.