

ANÁLISE DE MICROSSATÉLITES EM ESPÉCIES AFINS AO TRIGO

Barichello, D.¹; Bonow, S.^{2*}; Consoli, L.²; Carvalho, A. Z.³

Espécie do gênero *Triticum* apresentam diferentes níveis de ploidia, incluindo diplóides, tetraplóides e hexaplóides, como o trigo (*T. aestivum* L.), que é composto por três genomas (AABBDD). No trigo, o conjunto cromossômico A originou-se de *T. urartu*, o D de *T. tauschii* e o B, provavelmente, de *Aegilops speltoides*. Marcadores microsatélites (SSR) vêm sendo desenvolvidos em trigo para diversas finalidades. SSRs podem ser classificados como genoma específicos e não específicos, detectado neste caso em diferentes genomas. O objetivo deste trabalho foi avaliar a amplificação de marcadores microsatélites nas espécies doadoras dos genomas A, B e o D de *T. aestivum* e de outros genomas. Foram estudadas oito espécies pertencentes aos gêneros *Triticum* e *Aegilops*: *T. boeoticum*, *T. monococcum*, *T. monococcum flavescens* (genoma A), *Ae. squarrosa*, *Ae. squarrosa strangulata*, *Ae. squarrosa typica* (genoma D), *Ae. umbellulata* (genoma U), *T. aethiopicum* (genoma AB), *T. timopheevi araticum* (genoma AG), *Ae. ventricosa* (DN) e *Ae. ovata* (UN). O DNA foi extraído de uma única planta e também de um *pool* de plantas de cada genótipo, totalizando 24 extrações. Foram analisados doze *primers* microsatélites. A eletroforese capilar foi conduzida no sistema ABI 3100 (Applied Biosystems) e a análise feita com o software GeneMapper v3.5. Os *primers* testados amplificaram microsatélites nos seguintes genomas: WMS 609 no genoma D e genoma U; WMS 610 no genoma G e no genoma UM; WMS 251 nos genomas A e D; WMS 296 no genoma D; WMS 95 em todos os genomas analisados com exceção do genoma DN; WMS 455 em todos os genomas analisados com exceção do genoma A em *T. monococcum*; WMS 130 amplificou em todos os genomas analisados; CFE 114 amplificou em todos os genomas com exceção aos genomas AB e U; WMS 340 nos genomas GA e UM; WMS 135 amplificou em todos os genomas estudados; CFE 112 somente não amplificou no genoma DN; BARC 78 amplificou em todos os genomas com exceção ao genoma U. Os *primers* WMS 130 e WMS 135 amplificaram microsatélites em todas as espécies estudadas. A pesquisa está em andamento, porém, com os resultados preliminares obtidos podemos afirmar que os *primers* estudados amplificam microsatélites, em sua maioria, em mais de um genoma.

¹ Acadêmico do curso de Ciências Biológicas, Universidade de Passo Fundo.

² Pesquisador da Embrapa Trigo, orientador*.

³ Acadêmico do Programa de Pós-Graduação, Universidade Federal de Pelotas.