

Ciências Biológicas

Caracterização de sequências satélite no genoma de Piper L.

Lara Beatriz Oliveira - Ciências Biológicas/Bacharelado, ICN/UFLA, bolsista PIBIC/CNPq.

Larissa Roberta Rodrigues Leme - 8º período Ciências Biológicas/Bacharelado, ICN/UFLA, bolsista PIBIC/CNPq.

Liliana Rocivalda Gomes Leitão - Coorientadora, Pós-graduanda em Genética e Melhoramento de Plantas, ICN/UFLA.

Jacson Rondinelli da Silva Negreiros - Embrapa Acre.

Magdalena Vaio Scvortzoff - Universidad de la República, Montevideu, Uruguai.

Giovana Augusta Torres - Orientadora, Professora do Departamento de Biologia, ICN/UFLA - Orientador(a)

Resumo

Caracterização de sequências satélite no genoma de Piper L. As espécies de Piper L. nativas da Amazônia brasileira têm despertado grande interesse por representar uma fonte promissora para a extração de óleo essencial rico em safrol, dilapiol ou sarisan. Esses óleos essenciais possuem elevado valor comercial em função de seus empregos nas indústrias farmacêutica, cosmética, agroquímica e de química fina. Como essas espécies estão ainda em processo de domesticação e melhoramento, torna-se importante obter informações morfológicas, reprodutivas e genômicas. Uma das abordagens informativas para estudo do genoma e de regiões funcionais dos cromossomos é a caracterização da fração de DNA satélite, constituída por regiões extensas de DNA não codificante repetido em tandem. Portanto, objetivou-se identificar e caracterizar as sequências de DNA satélite nos genomas de Piper aduncum, Piper hispidinervum e Piper aff. hispidinervum. DNA genômico dessas espécies foram extraídos e sequenciados na plataforma Illumina MiSeq. Piper nigrum, espécie de maior importância do gênero, foi usada como grupo externo e os dados de sequenciamento de seu genoma foram obtidos do banco ENA (European Nucleotide Archive). As sequências de DNA satélites foram identificadas pela ferramenta TAREAN da plataforma RepeatExplorer e auto confrontadas na plataforma Dotmatcher, obtendo-se gráficos Dotplots para confirmação do arranjo em tandem. Tais sequências foram submetidas a buscas por similaridades no banco de nucleotídeos do NCBI (National Center for Biotechnology Information). Em P. aduncum foram identificadas sete sequências (PadSat1, PadSat2, PadSat3, PhsSat1, PhsSat2, PafSat1 e PafSat2). P. hispidinervum e P. aff. hispidinervum compartilharam as mesmas cinco sequências (PadSat3, PhsSat1, PhsSat2, PafSat1 e PafSat2) e P. nigrum apresentou três sequências (PafSat1, PniSat1 e PniSat2). Portanto, PafSat1 foi compartilhado entre todas as espécies, os satélites PadSat1 e PadSat2 foram exclusivos de P. aduncum, PniSat1 e PniSat2 exclusivos de P. nigrum e as demais quatro sequências (PadSat3, PhsSat1, PhsSat2 e PafSat2) foram compartilhadas entre as três espécies da Amazônia. O padrão de sequências satélite indicam que P. hispidinervum e P. aff. hispidinervum possuem relações genômicas próximas entre si e mais distantes de P. aduncum. Palavras-chave: Pimenta longa, pimenta de macaco, DNA repetitivo. Agradecimentos: CNPq, FAPEMIG e CAPES

Palavras-Chave: Pimenta longa, Pimenta de macaco, DNA repetitivo.

Instituição de Fomento: FAPEMIG e CNPq

Link do pitch: <https://youtu.be/Bz61ZZo8phQ>