

Engenharia Florestal

CARACTERIZAÇÃO DAS SEQUÊNCIAS DE DNA SATÉLITE NO GENOMA DE ESPÉCIES DA SUBTRIBO CASSIINAE (FABACEAE)

Ana Lúcia Dos Santos Silva - Estudante do 2º período de Engenharia Florestal, ESAL/UFLA, Bolsista PIBIC/UFLA

Marcelo Antônio da Trindade - Estudante de doutorado do Programa de Genética e Melhoramento de Plantas, DBI/ICN/UFLA

Alex Junior Aparecido Silvestrini - Estudante de doutorado do Programa de Genética e Melhoramento de Plantas, DBI/ICN/UFLA

Magdalena Vaio Scvortzoff - Professora da Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay

Giovana Augusta Torres - Professora orientadora, DBI/ICN/UFLA - Orientador(a)

Resumo

Cassiinae, subtribo pertencente a Caesalpinoideae (Fabaceae), apresenta três gêneros resultantes da divisão de *Cassia* lato sensu: *Cassia* stricto sensu, *Chamaecrista* Moench e *Senna* Mill. Com base em análises filogenéticas, a tribo Cassiinae tem sido considerada complexa devido a hipóteses conflitantes em relação aos três gêneros que a constituem. Análises mais aprofundadas, por exemplo com dados de sequenciamento genômico, podem auxiliar na resolução da filogenia. Uma abordagem que vem sendo bastante usada em plantas é a caracterização da fração repetitiva do genoma a partir de dados de sequenciamento em massa. Portanto, o objetivo do trabalho foi caracterizar e comparar as sequências repetitivas em tandem no genoma de uma espécie de cada gênero de Cassiinae. Foram usados dados de sequenciamento do DNA genômico realizado na plataforma Illumina, em parceria com o Instituto René Rachou – Fiocruz Minas, Belo Horizonte/MG. As sequências (reads) geradas pelo sequenciamento foram analisadas na plataforma RepeatExplorer (RE), onde foram realizadas as etapas de pré-processamento dos reads e as análises de clustering. Análise fornecida pela ferramenta TAREAN (RE2) identificou 25 possíveis satélites, sendo 15 pertencentes a *Cassia fistula*, quatro a *Chamaecrista ensiformes* e seis a *Senna occidentalis*. Destes, seis foram confirmados pela análise gráfica na plataforma Dotmatcher – EMBOSS, sendo três para *C. fistula* (CaFSat1A, CaFSat2A, CaFSat3W), um para *Ch. ensiformes* (ChESat1W) e dois para *S. occidentalis* (SeOSat2W e SeOSat4W). O padrão do gráfico para os outros 19 satélites identificados pelo TAREAN divergiu do esperado para repetições em tandem. Os seis satélites confirmados apresentaram comprimento similar (111 a 181 pb) e foram praticamente específicos de cada espécie, sendo que apenas três foram encontrados nas outras duas espécies, mas com abundância muito baixa. Os resultados revelaram a clara distinção entre as espécies com relação ao DNA satélite, mas não foi informativo sobre a relação entre elas. A localização dessas sequências nos cromossomos de espécies dos três gêneros, por meio de hibridização *in situ* fluorescente, permitirá estudos de evolução cariotípica dentro da subtribo.

Palavras-Chave: Caesalpinoideae, DNA repetitivo, Sequenciamento.

Instituição de Fomento: Universidade Federal de Lavras

Link do pitch: <https://www.youtube.com/watch?v=Mj-CwsL7NUA&t=5s>