

## MAPEAMENTO *IN SILICO* DE SSRs EM GENES DE *Triticum aestivum* L.

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

<sup>1</sup>Universidade Federal de Pelotas – r.p.machado1998@hotmail.com

<sup>2</sup>Universidade Federal de Pelotas – gilcrz@gmail.com

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

### 1. INTRODUÇÃO

O desafio que o mundo enfrenta em alimentar uma população crescente, juntamente com as consequências das mudanças climáticas, tornou necessário acelerar o desenvolvimento de culturas agrícolas de alta produtividade e resistentes (FAO, 2025; HICKEY et al., 2019). Assim, o melhoramento genético evoluiu de métodos convencionais, que apresentavam limitações, para estratégias altamente precisas baseadas nos avanços da biotecnologia e da bioinformática (VARSHNEY et al., 2021).

Dentre as ferramentas moleculares, os microssatélites ou SSRs, devido à alta variabilidade, codominância e ampla distribuição no genoma, têm sido amplamente utilizados em estudos de diversidade genética, construção de mapas de ligação e Seleção Assistida por Marcadores (KUMAR, 2024; MORGANTE, 1993).

A relevância desses marcadores ganha ainda mais destaque em culturas de grande importância econômica, como (*Triticum aestivum* L.). Apesar de sua importância central na alimentação mundial, a complexidade do genoma hexaplóide, que integra os subgenomas AA, BB e DD, representou um desafio histórico para as análises moleculares em virtude da presença de múltiplas cópias homólogas em cada indivíduo (WANG et al, 2025; ATHIYANNAN et al., 2022; APPELS et al, 2018). O sequenciamento de referência liberado pelo IWGSC (2014), oferece uma base sólida para a caracterização estrutural e funcional dos cromossomos do trigo comum e análise mais detalhada de regiões gênicas.

Assim, a identificação e o mapeamento de SSRs em regiões gênicas representam uma abordagem relevante para compreender a organização e a evolução do genoma do trigo e subsidiar programas de melhoramento genético. Portanto, o objetivo do presente estudo é quantificar e mapear os microssatélites em regiões gênica nos três subgenomas AA, BB e DD de *Triticum aestivum*.

### 2. METODOLOGIA

Os dados genômicos e de anotação do trigo foram extraídos do repositório público Ensembl Plants. A análise de todo o genoma para a identificação de dos SSRs foi executada com o programa KRAIT. Os critérios de busca foram definidos com base em MAIA (2008), estipulando um número mínimo de 12 repetições para mononucleotídeos, 7 para di-, 5 para tri-, e 4 para os demais motivos. A partir dos arquivos de anotação (GFF3), desenvolveu-se *scripts* para filtrar e selecionar as coordenadas correspondentes a sequências gênicas. Os *loci* de SSRs identificados foram associados com as coordenadas gênicas para compilar o conjunto de dados final, contendo apenas os microssatélites presentes em regiões dentro de genes.

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise identificou 43.717 genes contendo SSRs, distribuídos em 14.611 no genoma AA, 15.443 no BB e 13.663 no DD. A maior frequência foi observada em trímeros 17.141 e dímeros 3.046 (Tabela 1). O genoma AA concentrou a maior quantidade de dímeros 7.174, superando com mais de duas vezes os valores observados em BB e DD. Por outro lado, os genomas BB e DD se demonstraram maior quantidade de trímeros 7.393 e 6.813, respectivamente, tipo de SSR considerado mais estável em regiões codificantes, por não comprometer a leitura dos códons (GONTHIER et al, 2015). Esses resultados corroboram observações em outros estudos com trigo e cereais, nos quais trímeros e dímeros aparecem como os SSRs mais frequentes (KALIA et al., 2011).

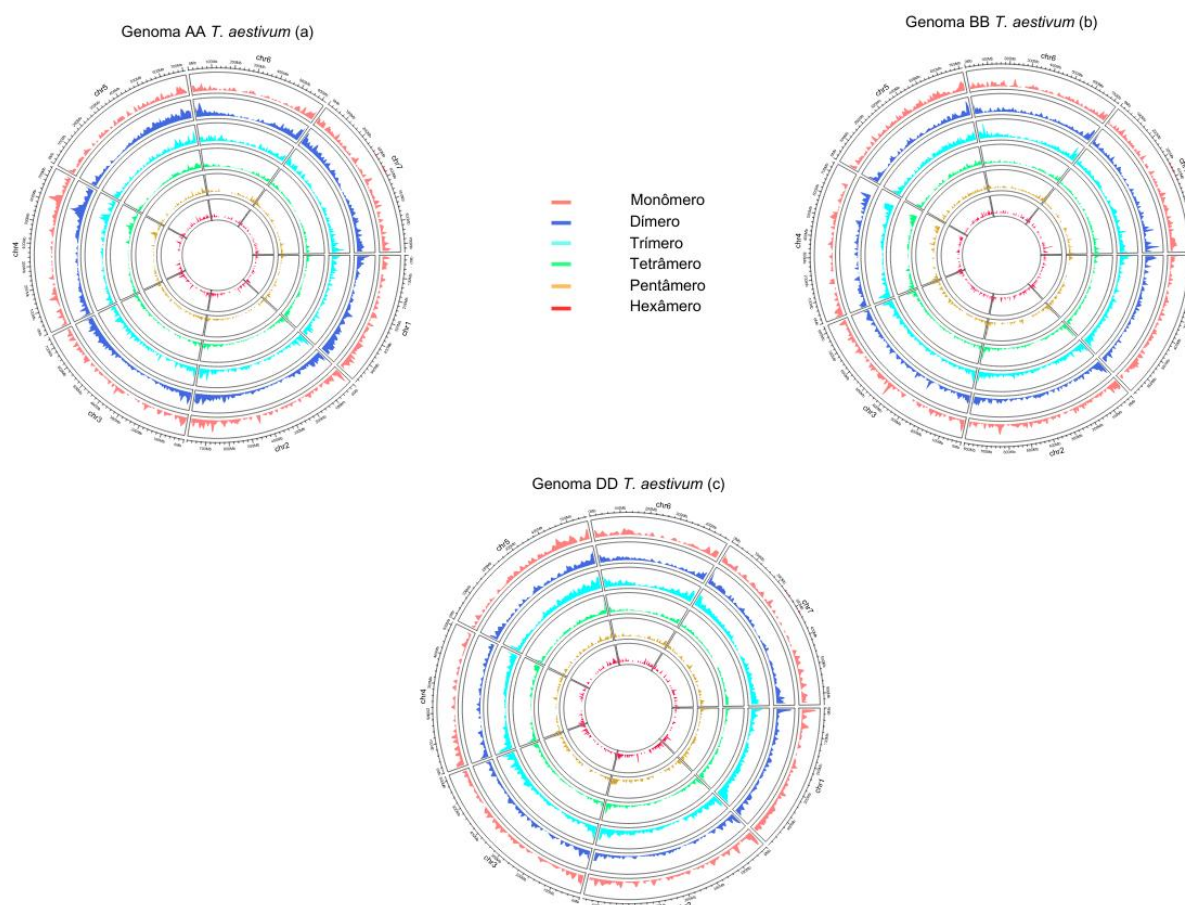
Tabela 1 - Distribuição e frequência de microssatélites encontrados em regiões gênicas, por tipo e subgenoma (AA, BB e DD) de *Triticum aestivum*. CGF – UFPEl, 2025.

SSR	Genoma AA	Genoma BB	Genoma DD	Total
Monômero	1.159	1.433	1.033	3.625
Dímero	7.174	3.198	2.674	13.046
Trímero	2.935	7.393	6.813	17.141
Tetramêro	2.343	2.437	2.232	7.012
Pentamêro	616	623	580	1.819
Hexamêro	384	359	331	1.074
<b>Total</b>	<b>14.611</b>	<b>15.443</b>	<b>13.663</b>	<b>43.717</b>

Fonte: Autor

O mapeamento revelou que a distribuição dos SSRs não é uniforme ao longo dos cromossomos (Figura 1). As regiões mais enriquecidas concentram-se nas regiões subteloméricas, padrão que também foi observado em outros genomas vegetais, como o milho, onde a maior densidade de SSRs ocorre nas extremidades dos cromossomos, enquanto os centrômeros apresentam ocorrência reduzida (ZHAO, et al., 2023). No cromossomo 3B, observa-se um pico de monômeros próximo à região centromérica. No cromossomo 4B verificou-se a ausência de SSRs em regiões gênicas próximas à extremidade (~100 Mb), enquanto nos cromossomos 4A e 4D observou-se elevada densidade e diversidade de motivos repetitivos, em concordância com as observações de GARBUS et al. (2015). De forma geral, todos os genomas analisados que apresentam regiões recorrentes com baixa densidade de SSRs, mantem-se um padrão consistente de locais com maior ou menor concentração de repetições simples, independentemente do tipo de SSR. Onde os monômeros são os mais heterogêneos, apontando picos de SSRs diferentes dos padrões dos demais.

Figura 1 - Distribuição de microssatélites (SSRs) presentes dentro da sequência de genes nos genomas de *Triticum aestivum*. (a) genoma AA. (b) genoma BB. (c) genoma DD. CGF – UFPel, 2025.



Fonte: Autor

#### 4. CONCLUSÕES

O presente estudo evidenciou que os microssatélites estão amplamente distribuídos em genes dos três subgenomas de *Triticum aestivum*, com predominância de trímeros e dímeros, ressaltando seu potencial como marcadores moleculares. A heterogeneidade observada entre os subgenomas indica padrões distintos de organização e estabilidade dos SSRs, especialmente em regiões subteloômicas, que concentram maior densidade dessas repetições. Esses dados corroboram como ferramentas estratégicas para estudos de diversidade genética, evolução e para a aplicação em programas de melhoramento assistido por marcadores, contribuindo para o avanço na compreensão do genoma do trigo e para o desenvolvimento de cultivares mais produtivas e adaptadas.

#### 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

APPELS, R. et al. Shifting the limits in wheat research and breeding using a fully annotated reference genome. **Science**, Washington, v. 361, n. 6403, eaar7191, 2018.

ATHIYANNAN, N. et al. Long-read sequencing unravels structural complexity of bread wheat genome. **Nature Genetics**, London, v. 54, p. 124-132, 2022.

DU, L. 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.

EMBL-EBI. **Triticum aestivum** – Ensembl Plants. [s.l.], [s.d.]. Disponível em: [https://plants.ensembl.org/Triticum\\_aestivum/Info/Index](https://plants.ensembl.org/Triticum_aestivum/Info/Index). Acessado em 10 de jul de 2025.

FAO; IFAD; UNICEF; WFP; WHO. **The State of Food Security and Nutrition in the World 2025 – Addressing high food price inflation for food security and nutrition**. Rome: FAO, 2025.

GARBUS, I. et al. Characterization of repetitive DNA landscape in wheat homeologous group 4 chromosomes. **BMC Genomics**, v. 16, n. 375, 2015.

GONTHIER, P. et al. Selection processes in simple sequence repeats suggest a correlation with their genomic location: insights from a fungal model system. **BMC Genomics**, v. 16, p. 2274, 2015.

HICKEY, L. T. et al. Breeding crops to feed 10 billion. **Nature Biotechnology**, New York, v. 37, n. 7, p. 744-754, 2019.

IWGSC – INTERNATIONAL WHEAT GENOME SEQUENCING CONSORTIUM. A chromosome-based draft sequence of the hexaploid bread wheat (*Triticum aestivum*) genome. **Science**, Washington, v. 345, n. 6194, 1251788, 2014.

KALIA, R. K. et al. Microsatellite markers: an overview of the recent progress in plants. **Euphytica**, Dordrecht, v. 177, n. 3, p. 309-334, 2011.

KUMAR, S.; SHANKER, A.; GUPTA, D. pSATdb 2.0: a database of organellar common, polymorphic, and unique microsatellites. **Functional & Integrative Genomics**, Berlin, v. 24, n. 6, p. 213, 2024.

MAIA, L. C. et al. SSR Locator: Tool for Simple Sequence Repeat Discovery. **BMC Bioinformatics**, London, v. 9, n. 230, p. 1-13, 2008.

MORGANTE, M.; OLIVIERI, A. M. PCR-amplified microsatellites as markers in plant genetics. **The Plant Journal**, v. 3, n. 1, p. 175-182, 1993.

VARSHNEY, R. K. et al. Designing future crops: genomics-assisted breeding comes of age. **Trends in Plant Science**, London, v. 26, n. 6, p. 631-649, 2021.

WANG, W. et al. Engineering a robust Cas12i3 variant-mediated wheat genome editing system. **Plant Biotechnology Journal**, v. 23, p. 860-873, 2025.

ZHAO, M. et al. Pattern and variation in simple sequence repeat (SSR) at different genomic regions and its implications to maize evolution and breeding. **BMC Genomics**, v. 24, n. 136, p. 1-14, 2023.