



Realização:



Apoio:

**XVII CIC  
X ENPOS**Conhecimento sem fronteiras  
XVII Congresso de Iniciação Científica  
X Encontro de Pós-Graduação  
11, 12, 13 e 14 de novembro de 2008

## **Caracterização de marcadores microssatélites localizados no cromossomo 1 de *Bos taurus*.**

**Autor(es):** COSTA, Marco André Paldês da; MAIA, Luciano Carlos da; ALMEIDA, Diones Bender; COSTA DE OLIVEIRA, Antônio e MOREIRA, Heden Luiz Marques.

**Apresentador:** Marco André Paldês da Costa

**Orientador:** Heden Luiz Marques Moreira

**Revisor 1:** Carlos Oliveira Amaral

**Revisor 2:** Beatriz Helena Gomes Rocha

**Instituição:** Universidade Federal de Pelotas

### **Resumo:**

Marcadores microssatélites, ou SSR, são reconhecidos por seu caráter polimórfico, abundância e distribuição, tanto em regiões genômicas codificantes, como não codificantes, dentre outras características. Devido a maior suscetibilidade destes trechos à alterações na seqüência de nucleotídeos, são considerados fontes de variação genética importante e amplamente empregados em estudos sobre evolução, filogenia e mapeamento genético. O objetivo deste estudo foi identificar marcadores microssatélites, localizados no cromossomo autossômico 1 de *Bos taurus*, e investigar o tipo e distribuição dos motivos de repetição. A seqüência completa deste cromossomo foi obtida, diretamente, pelo repositório do NCBI ([ftp://ftp.ncbi.nih.gov/genomes/Bos\\_taurus/](ftp://ftp.ncbi.nih.gov/genomes/Bos_taurus/)). Para busca por loci microssatélites foi utilizado o software SSRLOCATOR v.1 (MAIA, 2008; <http://www.ufpel.tche.br/faem/fitotecnia/fitomelhoramento>), almejando seqüências com, no mínimo, 20 nucleotídeos, espaçamento entre 5 e 100 pares de bases para marcadores descritos como compostos e, inferiores a 5 pares de bases para imperfeitos. Foram obtidos 13.030 SSR, dos quais 94,22% apresentaram estrutura perfeita, seguidos por 5,23, 0,35, 0,12 e 0,8% compostos de 2, 3, 4 e 5 marcadores, respectivamente. A freqüência média observada foi de um loco SSR a cada 12.356 kb. Quanto ao tamanho em unidades de repetição, os microssatélites variaram entre 20 a 160 bases. Os pentâmeros demonstraram ser o tipo de repetição mais abundante (37,84%), seguidos por di-, mono-, tri-, tetra- e hexâmeros, com 37,2, 10,02, 9,29, 5,02 e 0,62%, respectivamente. Dentre os motivos de repetições observados, as seqüências ACTGA (27,13%), TG (19,21%), T (49,96%), AGC (38,89%), AAAC (9,79%), e TTCACT (6,10%), foram as mais freqüentes, considerando seus tipos. Como fonte de informação sobre a variabilidade em regiões SSR de *Bos taurus*, os resultados encontrados poderão vir a contribuir, tanto para o conhecimento estrutural do genoma desta espécie, bem como disponibilizar possíveis novos marcadores moleculares para utilização no melhoramento genético.