

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS
FACULDADE DE AGRONOMIA ELISEU MACIEL
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA



Dissertação

A domesticação da aveia implicou na perda de microssatélites?

Rodrigo Pagel Machado

Pelotas, 2024

Rodrigo Pagel Machado

A domesticação da aveia implicou na perda de microssatélites?

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel da Universidade Federal de Pelotas, como requisito para a obtenção do título de mestre em Ciências (Área de concentração em Fitomelhoramento).

Orientador: Prof. Dr. Antonio Costa de Oliveira

Coorientador: Prof. Dr. Luciano Carlos da Maia

Pelotas, 2024

Universidade Federal de Pelotas / Sistema de Bibliotecas
Catalogação da Publicação

M149d Machado, Rodrigo Pagel

A domesticação da aveia implicou na perda de microssatélites?
[recurso eletrônico] / Rodrigo Pagel Machado ; Antonio Costa de Oliveira,
orientador ; Luciano Carlos da Maia, coorientador. — Pelotas, 2024.
68 f. : il.

Dissertação (Mestrado) — Programa de Pós-Graduação em
Agronomia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal
de Pelotas, 2024.

1. *Avena sativa*. 2. *Avena insularis*. 3. *Avena longiglumis*. 4.
Melhoramento vegetal. 5. SSRs. I. Oliveira, Antonio Costa de, orient. II.
Maia, Luciano Carlos da, coorient. III. Título.

CDD 633.133

Elaborada por Ubirajara Buddin Cruz CRB: 10/901

Rodrigo Pagel Machado

A domesticação da aveia implicou na perda de microssatélites?

Dissertação aprovada, como requisito parcial para obtenção do grau de Mestre em Ciências, Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas.

Data de defesa: 04 de março de 2024

Banca examinadora:

Antonio Costa de Oliveira, Ph. D. – Dep. de Fitotecnia, FAEM/UFPeI

Beatriz Helena Gomes Rocha, Dra. – Dep. de Ecologia, Zoologia e Genética, Biologia/UFPeI

Camila Pegoraro, Dra, – Dep. de Fitotecnia, FAEM/UFPeI

Mauricio Marini Kopp, Dr. – Embrapa Pecuária Sul - Bagé

Dedico

A minha família e amigos, pelo carinho, compreensão e incentivos fornecidos.

“O que sabemos é uma gota; o que ignoramos é um oceano” (Isaac Newton)

“O importante é não parar de questionar; a curiosidade tem sua própria razão de existir”
(Albert Einstein)

“Em algum lugar, alguma coisa incrível está esperando para ser descoberta” (Carl Sagan)

Agradecimentos

Agradeço primeiramente a Deus, por ter me dado a oportunidade de adquirir conhecimento e por me ajudar a passar por todas as dificuldades durante o mestrado e na vida.

Agradeço aos meus pais Ricardo e Kátia pelo apoio durante toda minha vida, nos piores e nos melhores momentos, por toda a compreensão durante a minha graduação, por sempre estarem ao meu lado.

Todo meu agradecimento a minha namorada Elisa por todo carinho, amor e compreensão e apoio nos piores e melhores momentos durante o mestrado.

Agradeço aos meus tios Ronaldo e Simone e minha prima Julia, pelo apoio e incentivo para concluir e seguir o meu sonho.

Agradeço a minha avó Ruth e minha tia Marcia que sempre me dando muito carinho e sempre me incentivando.

Agradeço ao Centro de Genômica e Fitomelhoramento pela oportunidade e por todo apoio e conhecimento que obtive participando desse programa. Pelas amizades que fiz com os colegas e professores.

Agradeço aos meus amigos que participaram dessa longa trajetória, pelo apoio e conselhos nos momentos em que precisei.

Agradeço aos Professores Antonio, Camila e Luciano por toda compreensão e ensinamentos durante o mestrado, das boas risadas e confraternizações que fizemos juntos no campo.

À Universidade Federal de Pelotas (UFPEL), Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel (FAEM) e o Programa de Pós Graduação em Agronomia (PPGA) por terem me proporcionado a oportunidade de poder obter mais conhecimentos e oportunidades.

A CAPES por ter proporcionado a oportunidade de ser bolsista e ter um melhor desenvolvimento durante a pós graduação.

A todos estes os meus mais sinceros agradecimentos.

Resumo

Machado, R. P. **A domesticação da aveia implicou na perda de microssatélites?** Orientador: Antonio Costa de Oliveira. 2024. 68f. Dissertação (Mestrado em ciências – área de concentração: Fitomelhoramento) - Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas - RS, 2024.

A aveia branca é um cereal que vem se destacando com seu potencial na agricultura, principalmente por conta da produção de grãos, que possuem qualidade industrial e com composição química excelentes, como também pelas várias possibilidades de uso. Esse cereal é comumente cultivado nos estados do Sul do Brasil, onde a mesma possui melhor adaptação. Nesse aspecto é uma das culturas que se destaca nos programas de melhoramento, visando o aumento de produtividade e resistência a fatores abióticos e bióticos para melhor adaptação a diversas regiões. A evolução das plantas, evidenciada pela diversidade de seus genomas, reflete a adaptação ao longo de milhões de anos a diferentes ambientes e pressões seletivas. A variabilidade genômica nas plantas impulsiona a inovação evolutiva, permitindo a exploração de novos nichos e a resposta a desafios ambientais, como mudanças climáticas e interações com outras espécies, fundamental para sua sobrevivência e diversificação ao longo do tempo. Os microssatélites são uma ferramenta fundamental para estudos de melhoramento avançado, podendo ser utilizados de diversas formas para otimizar o tempo gasto no desenvolvimento de novas cultivares como também se ter o estudo complexo de regiões dentro dos genomas e estudar regiões intergenicas e genicas. Os objetivos da presente dissertação é caracterizar a presença de microssatélites nos subgenomas da aveia, verificar a distribuição destes microssatélites nos diferentes tipos de genes quanto à sua função e comparar a presença destes nos genomas ancestrais comparada com a presença no genoma da aveia hexaploide cultivada. Foi feita a comparação da quantidade de microssatélites presentes em seus genomas AA, CC e DD e estimou-se a perda dessas sequências devido à domesticação e ao processo evolutivo da aveia branca ao decorrer dos anos. Os microssatélites são importantes quando associados a genes envolvidos em processos vitais, no desenvolvimento, na produtividade, resistência e/ou tolerância dentre outros processos.

Foram observadas variações entre genomas da *Avena sativa* comparada as ancestrais *Avena longiglumis* e *Avena insularis*, onde demonstraram uma maior perda de microssatélites monômeros e dímeros, como também houve uma conservação de microssatélites dentro de genes entre genomas DD da *Avena sativa* quando comparada a *Avena insularis* mostrando uma desuniformidade entre os genomas.

A presença diferencial de microssatélites nos genomas ancestrais e na aveia hexaploide cultivada sugere que a seleção ao longo do tempo não foi uniforme nos três genomas da aveia, com reduções mais significativas de microssatélites ocorrendo nos genomas AA e CC, particularmente dentro de genes.

Palavras chaves, *Avena sativa*, *Avena insularis*, *Avena longiglumis*, melhoramento vegetal, SSRs.

Abstract

Machado, R. P. **Did oat domestication resulted in loss of microsatellites?** Advisor: Antonio Costa de Oliveira. 2024. 68p. Dissertation (Master's degree in Sciences - concentration area: Plant Breeding) - Graduate Program in Agronomy, Department of Crop Science, Federal University of Pelotas, Pelotas - RS, 2024.

Oat is a cereal that has been standing out for its potential in agriculture, mainly due to grain production, which boasts excellent industrial quality and chemical composition, as well as various usage possibilities. This cereal is commonly grown in the Southern states of Brazil, where it shows better adaptation. In this aspect, it is one of the crops highlighted in breeding programs, aiming at increased productivity and resistance to abiotic and biotic factors for better adaptation to diverse regions. Plant evolution, evidenced by the diversity of their genomes, reflects adaptation over millions of years to different environments and selective pressures. Genomic variability in plants drives evolutionary innovation, enabling the exploration of new niches and responses to environmental challenges, such as climate change and interactions with other species, crucial for their survival and diversification over time. Microsatellites are a fundamental tool for advanced breeding studies, capable of being used in various ways to optimize the time spent developing new cultivars, as well as conducting complex studies of regions within genomes and studying intergenic and genic regions. The objectives of this dissertation are to characterize the presence of microsatellites in oat subgenomes, verify the distribution of these microsatellites in different types of genes regarding their function, and compare their presence in ancestral genomes with their presence in the cultivated hexaploid oat genome. A comparison was made of the quantity of microsatellites present in their AA, CC, and DD genomes, and the loss of these sequences due to oat domestication and evolutionary processes over the years was estimated. Microsatellites are important when associated with genes involved in vital processes, development, productivity, resistance, and/or tolerance, among others. Variations were observed among genomes of *Avena sativa* compared to ancestral *Avena longiglumis* and *Avena insularis*, where there was a greater loss of monomer and dimer microsatellites, and conservation of microsatellites within genes in the DD genomes of *Avena sativa* compared to *Avena insularis*, showing non-uniformity among

genomes. The differential presence of microsatellites in ancestral genomes and cultivated hexaploid oat suggests that selection over time was not uniform in the three oat genomes, with more significant reductions of microsatellites occurring in the AA and CC genomes, particularly within genes.

Keywords: *Avena sativa*, *Avena insularis*, *Avena longiglumis*, breeding plants, SSRs.

Lista de Figuras

Figura 1	Distribuição de tipos de microssatélites dentro de cada cromossomo no genoma AA da <i>Avena longiglumis</i> . CGF – UFPel, 2024.....	27
Figura 2	Distribuição de tipos de microssatélites dentro de cada cromossomo no genoma CC da <i>Avena insularis</i> . CGF – UFPel, 2024.....	28
Figura 3	Distribuição de tipos de microssatélites dentro de cada cromossomo no genoma DD da <i>Avena insularis</i> . CGF – UFPel, 2024.....	29
Figura 4	Distribuição de tipos de microssatélites dentro de cada cromossomo no genoma AA da <i>Avena sativa</i> . CGF – UFPel, 2024.....	30
Figura 5	Distribuição de tipos de microssatélites dentro de cada cromossomo no genoma CC da <i>Avena sativa</i> . CGF – UFPel, 2024.....	31
Figura 6	Distribuição de tipos de microssatélites dentro de cada cromossomo no genoma DD da <i>Avena sativa</i> . CGF – UFPel, 2024.....	32
Figura 7	Distribuição de tipos de microssatélites dentro de cada cromossomo nos genomas AA, CC e DD da <i>Avena sativa</i> . CGF – UFPel, 2024.....	33

Lista de Tabelas

Tabela 1	Total de cada tipo de microssatélite em cada genoma das espécies <i>Avena longiglumis</i> , <i>Avena insularis</i> e <i>Avena sativa</i>	33
Tabela 2	Distribuição de tipos de microssatélites por cromossomo no genoma AA da <i>Avena longiglumis</i>	34
Tabela 3	Distribuição de tipos de microssatélites por cromossomo no genoma CC da <i>Avena insularis</i>	34
Tabela 4	Distribuição de tipos de microssatélites por cromossomo no genoma DD da <i>Avena insularis</i>	34
Tabela 5	Distribuição de tipos de microssatélites por cromossomo no genoma AA da <i>Avena sativa</i>	35
Tabela 6	Distribuição de tipos de microssatélites por cromossomo no genoma CC da <i>Avena sativa</i>	35
Tabela 7	Distribuição de tipos de microssatélites por cromossomo no genoma DD da <i>Avena sativa</i>	35
Tabela 8	Tamanho dos genomas, quantidade total de microssatélites por genoma e distância entre microssatélites dentro de cada genoma.....	36
Tabela 9	Microssatélites presentes dentro de genes por genoma.....	37
Tabela 10	Distribuição dos microssatélites dentro genes de cada genoma de cada espécie de aveia associados a funções proteicas funcionais. CGF – UFPel, 2024.....	38
Tabela 11	Porcentagem de genes com microssatélites que possuem função proteica das aveias no gene ontology.....	38
Tabela 12	Funções dos genes com microssatélites dentro de cada genoma das aveias para processo biológico.....	39
Tabela 13	Funções dos genes com microssatélites dentro de cada genoma das aveias para componente celular.....	40
Tabela 14	Funções dos genes com microssatélites dentro de cada genoma das aveias para função molecular.....	40

Tabela 15	Porcentagem de variação de genes da <i>Avena sativa</i> comparados aos genomas dos seus ancestrais <i>Avena longiglumis</i> e <i>Avena insularis</i> associados a cada função do processo biológico.....	42
Tabela 16	Porcentagem de variação de genes da <i>Avena sativa</i> comparados aos genomas dos seus ancestrais <i>Avena longiglumis</i> e <i>Avena insularis</i> associados a cada função de componente celular.....	42
Tabela 17	Porcentagem de variação de genes da <i>Avena sativa</i> comparados aos genomas dos seus ancestrais <i>Avena longiglumis</i> e <i>Avena insularis</i> associados a função molecular.....	42

Sumário

Introdução.....	13
1 REVISÃO BIBLIOGRAFICA.....	15
1.1 Evolução dos genomas do gênero <i>Avena</i>	15
1.2 Origem e domesticação do gênero <i>Avena</i>	16
1.3 Classificação geral do gênero <i>Avena</i>	16
1.4 Classificação botânica da aveia branca (<i>Avena sativa</i> L.)	17
1.5 Melhoramento de aveia branca no Brasil	17
1.6 A importância da aveia branca.....	18
1.7 Qualidade nutricional da aveia branca	19
1.8 Marcadores moleculares	21
2 MATERIAL E MÉTODOS	23
2.1 Pesquisa e identificação de dados citogenéticos	23
2.2 Limpeza e filtragens iniciais do banco de dados	23
2.3 Busca de microssatélites (SSRs).....	24
2.4 Limpeza e filtragem dos SSRs.....	24
2.5 Quantificação de SSRs	24
2.6 Identificação de SSRs dentro de genes	25
2.7 Análise Ontológica dos genes com SSRs.....	25
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	25
3.1 Limpeza e filtragem das pseudomoléculas	25
3.2 Busca de microssatélites (SSRs).....	26
3.3 Identificação de SSRs dentro de genes	36
3.4 Análise Ontológica	37
4 CONCLUSÕES	44
Referências	45
Anexos	55

Introdução

A cultura da aveia branca (*Avena sativa* L.) vem demonstrando alto desempenho como cereal de inverno sendo fundamental na agricultura brasileira. A estimativa da produção de grãos para safra de 2023 foi de 984,1 mil toneladas. Os estados do Paraná e Rio Grande do Sul são os maiores produtores, representando 96% da produção nacional (CONAB, 2024). Com o melhoramento de plantas, cada vez mais são obtidos maiores rendimentos e melhorias nas características nutricionais e qualidade industrial.

O gênero *Avena* apresenta aproximadamente 30 espécies, observando que as mais cultivadas são a *Avena sativa* L. e a *Avena strigosa* L. Entre as espécies do gênero *Avena*, tem-se grandes possibilidades de fontes de genes de resistência a moléstias e caracteres agronômicos. Entre estas estão a *Avena longiglumis* e *Avena insularis*, portadoras dos genomas ancestrais da *Avena sativa*.

A *Avena longiglumis* é uma espécie diploide (AA, $2n = 2x = 14$) é comumente usada para estudos de referência genômica por ser uma ancestral e doadora do genoma A da aveia branca. É utilizada para estudos de poliploidização facilitando assim o uso total de recursos genéticos (KAMAL, 2022). A *Avena insularis* é uma espécie tetraploide (CCDD, $2n = 4x = 28$), e é utilizada como base de estudos filogenéticos e de análises genômicas, essa espécie é portadora dos genomas C e D, e a doadora de todas as aveias hexaplóides com genoma AACCCDD (FOMINAYA, 2021).

O melhoramento de plantas está trazendo novas tecnologias que vem aumentando os resultados das pesquisas de modo que estão satisfazendo os interesses da indústria como também dos produtores.

Com isso o trabalho tem como objetivo analisar a quantidade e distribuição de microssatélites presentes nas três espécies de aveia utilizadas, como também comparar a quantidade de SSRs dentro de cada genoma. Observar quais microssatélites estão presentes dentro de genes como por fim analisar quais as funções desses genes e como estão distribuídos nas suas funções proteicas.

A utilização de microssatélites no melhoramento de plantas é crucial devido à sua capacidade de fornecer marcadores genéticos informativos, revelar variabilidade genética, facilitar o mapeamento de genomas, permitir a seleção assistida por

marcadores e fornecer *insights* sobre a estrutura genética das populações, contribuindo assim para o desenvolvimento de variedades agronomicamente superiores e adaptadas.

1 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

1.1 Evolução dos genomas do gênero *Avena*

Através de dados da estrutura de cariótipos (LOSKUTOV; ABRAMOVA, 1999; BADAIEVA *et al.* 2005), de mesma forma confirmados pelos resultados de RAPD (LOSKUTOV; PERCHUK, 2000) e com análise do espectro avenina (LOSKUTOV *et al.*, 1999), foi afirmada a identificação dos dois genomas básicos que participaram do desenvolvimento e formação de espécies *Avena* L., onde foram nomeados respectivamente como genomas AA e CC. Foi descoberto que os genomas BB e DD presentes em algumas das espécies de aveia são provenientes de uma transformação do genoma AA.

Diversas pesquisas científicas têm demonstrado que o genoma CC mantém sua integridade em todos os níveis de ploidia, com variações mínimas, sendo reconhecido como um dos genomas base nas espécies de aveia (LOSKUTOV; ABRAMOVA, 1999).

Esses resultados são respaldados pelo tipo mais primitivo de desenvolvimento perene e pela polinização cruzada, características típicas de um conjunto de espécies de gramíneas semelhantes à aveia no subgênero *Avenastrum* C. Koch (LOSKUTOV, 2003). Contudo de acordo com Radionov *et al.* (2005) a divisão das linhagens filogenéticas da aveia que carregam os genomas AA e CC foi acompanhada pela acumulação de diferenças em repetições dispersas e pela ocorrência de transições e transversões específicas para cada ramificação. Em um estágio subsequente, a linhagem do genoma CC segregou os ramos filogenéticos de *Avena macrostachya* do progenitor das outras espécies com o genoma CC. Posteriormente, os progenitores de *A. macrostachya* duplicaram seu número cromossômico, originando grandes blocos de heterocromatina, processo que resultou em um padrão de bandamento CC incomum nos cromossomos do genoma CC de espécies diploides e poliploides (LOSKUTOV *et al.*, 2003; RODIONOV *et al.*, 2005).

Diferenças notáveis entre as espécies tetraploides portadoras dos genomas AABB e AACC foram corroboradas por meio dos resultados provenientes da análise RAPD e dos marcadores de proteínas avenina (LOSKUTOV *et al.*, 1999; LOSKUTOV E PERCHUK, 2000). Subsequentemente, as espécies que possuíam os três genomas

AA, CC e DD foram submetidas a processos de hibridação, culminando na formação de uma espécie alohexaplóide, precursora de *Avena sterilis*, esse evento originou um extenso conjunto de espécies, entre as quais se incluem *Avena byzantina* e *Avena sativa* hexaplóides, possuindo o genoma AACCCDD. A separação evolutiva entre os genomas AA e CC, que representam os principais genomas do gênero *Avena* L., pode ser discernida por meio da estrutura do cariótipo, dos espectros de marcados de proteínas avenina e dos dados obtidos por RAPD (LOKUSTOV E ABRAMOVA, 1999; LOSKUTOV *et al.*, 1999; LOSKUTOV E PERCHUCK, 2000).

1.2 Origem e domesticação do gênero *Avena*

A origem, de acordo com os pesquisadores, indica que a aveia tem seus predecessores da Ásia menor (COFFMAN, 1977). A cultura foi considerada uma espécie invasora no início da agricultura, sendo levada e espalhada quando transportavam sementes de trigo e cevada para Europa. Assim migrando para outras regiões do mundo como uma planta daninha e sem fins comerciais, até chegar em áreas mais frias, onde obteve uma boa adaptação. Nestas áreas, a aveia foi vista como uma cultura de interesse levando a ser cultivada como uma alternativa para fins de consumo (THOMAS, 1995). A primeira espécie de aveia a ser domesticada para uso foi a *Avena strigosa*, hipoteticamente tendo origem na península ibérica, sendo muito utilizada para produção de grãos e forragem para consumo animal (HARLAN, 1992). Existem mais outras duas espécies de aveia, a *Avena sativa* e a *Avena byzantina*, ou popularmente chamadas de aveia branca e aveia amarela, respectivamente. (BARBIERI *et al.*, 2008). No Brasil a aveia foi estabelecida através dos descobridores europeus, no século XVI e conforme os anos foram passando foi sendo utilizada como cultura de interesse econômico (TAVARES *et al.*, 1993).

1.3 Classificação geral do gênero *Avena*

As aveias são parte da família Poaceae, são gramíneas economicamente importantes pelos seus diversos usos. O gênero é bem diversificado, com diversas espécies diploides, tetraploides e hexaploides. A maior diversidade genética dessa gramínea é em torno do Mediterrâneo, Oriente médio, Ilhas Canárias e Himalaias. Comparada com demais culturas é uma espécie que demanda menos tratamentos fitossanitários (KAMAL, 2022).

As aveias geneticamente possuem um número cromossômico básico igual a sete e ocorrem em três níveis de ploidia: diploides, tetraploides e hexaploides (TAVARES *et al.*, 1993).

1.4 Classificação botânica da aveia branca (*Avena sativa* L.)

A espécie *Avena sativa* L. é conhecida como aveia branca, é pertencente à família Poaceae, da subfamília Poidae, tribo Avenae e gênero *Avena* (FEDERIZZI *et al.*, 1999), onde concentram-se em plantas anuais, que são autógamas, ou seja, se autofecundam assim não ocorrendo a troca de genes entre plantas e são favorecidas pela cleistogamia (BARBIERI *et al.*, 2008).

A aveia é uma gramínea que possui hábito cespitoso e tem o sistema radicular fibroso e fasciculado, apresentando raízes seminais e adventícias. O colmo é cilíndrico e ereto, composto de uma série de entrenós. Sua inflorescência possui uma panícula piramidal, terminal e aberta, contendo espiguetas nas terminações, apresentando um grão primário e um secundário e dependendo da linhagem ou cultivar até um terciário (SHANDS, 1998; BONNETT, 1961).

O conhecimento sobre o número de cromossomos e a ploidia da *Avena sativa* ($2n = 6x = 42$) remonta há mais de cem anos (KIHARA, 1919), com discussões sobre suas origens evolutivas datando de ainda antes desse período. A identificação dos subgenomas do hexaplóide como AA, CC e DD (PENG, *et al.*, 2022). A estrutura cromossômica pode variar entre as diferentes espécies de aveia, e que diferentes variedades de *A. sativa* podem exibir conjuntos distintos de translocações cromossômicas. (JELLEN; BEARD, 2000).

1.5 Melhoramento de aveia branca no Brasil

O melhoramento vegetal evoluiu da domesticação de espécies para a identificação de superioridade genética, ou seja, juntar caracteres desejados em um genótipo. Para isso, trabalha-se com os modos de reprodução das espécies, herança genética com e sem hibridações, condução com populações segregantes em espécies autógamas, alógamas e propagação assexuada. Além disso, aplica-se mutações induzidas e melhoramento para resistência a fatores que impactam diretamente as plantas (ALARD, 1960).

As pesquisas com intuito de melhoramento genético com aveia começaram aproximadamente no ano de 1930, na estação experimental de Bagé, onde foram realizados testes com cultivares introduzidas no País, vindas da Argentina e do Uruguai. Com essas cultivares obtidas começou-se a fazer ensaios de adaptação como desempenho nas condições climáticas da região (FEDERIZZI *et al.*, 2005). Com esses ensaios foram realizados testes onde se tinha o objetivo de selecionar novos genótipos com um alto rendimento e melhor adaptação dessas cultivares ao ambiente.

Um dos principais problemas das primeiras cultivares de aveia no Brasil foi a adaptação, devido ao ciclo longo e alta estatura, com isso resultando em alto acamamento e por consequência levando ao baixo rendimento e qualidade de grãos (FEDERIZZI, 2009). Com as pesquisas de melhoristas direcionadas a estrutura da planta, foram sendo obtidas plantas as quais apresentavam as características necessárias para uma elevada produção de grãos, como estatura menor, ciclo reduzido e boa fecundação (BARBOSA *et al.*, 2000).

Com o avanço na produção de grãos de aveia surgiram pequenas indústrias com o intuito de beneficiar e processar a aveia destinada à alimentação humana. Com isso tem-se melhorado plantas a fim de oferecer ao mercado cultivares cada vez mais adaptadas e com caracteres de interesse tanto para a indústria, quanto ao produtor e o consumidor final (BENIN, 2005).

1.6 A importância da aveia branca

A aveia branca vem se destacando como um cereal de intenso uso para cultivo de inverno devido à alta versatilidade de utilização. A cultura é comumente utilizada para produção de grãos, alimentação humana, alimentação animal, produção de pastagem, produção de feno e silagem, como cobertura de solo para sistemas de plantio direto, sendo então uma alternativa muito viável para rotação de culturas. Desta forma, é uma cultura altamente benéfica tanto para o ambiente como também economicamente (CARVALHO *et al.*, 1987; CBPA, 2014).

Na alimentação humana, a aveia vem assumindo um papel muito importante como alimento, principalmente quem busca uma vida mais saudável. A aveia vem trazendo esses interesses por conta dos valores nutricionais e todos benefícios que ela proporciona para o corpo humano. Dentre os benefícios estão o aumento de absorção de nutrientes, prevenção e auxílio no tratamento da diabetes, prevenção de

problemas cardíacos como também problemas intestinais, e essas propriedades funcionais são reconhecidas pelas ANVS/MS nº 17/99 e 19/99 (ANVISA, 2012). Além da qualidade nutricional, também é necessário avaliar a qualidade industrial e o rendimento de grãos, com o propósito de atender as necessidades da indústria e dos consumidores. As propriedades ligantes, emulsificantes e espumantes da aveia, a tornam útil para vários usos de processamento industrial (PETERSON, 1992).

A indústria tem o requisito de que o grão de aveia destinado à mesma tenha uma qualidade mínima. Por isso, este é um dos aspectos que é melhorado nos programas de melhoramento genético, buscando a morfologia do grão adequada para o beneficiamento industrial (BOTHONA, 1998). Por conta disso a qualidade dos grãos da aveia depende de muitos fatores, que podem ser relacionados a parâmetros físicos e químicos dos grãos (BOTHONA, 1999). A qualidade industrial é avaliada por alguns fatores como o peso do hectolitro (kg hL^{-1}), massa de mil grãos (MMG), espessura do grão ($\% > 2 \text{ mm}$) e índice de descasque (ID%). Os padrões requisitados pela indústria permitem mistura de no máximo 2% de aveia-preta, peso do hectolitro igual ou superior a 50 kg hL^{-1} , máximo de 3% de grãos manchados ou escuros, alta percentagem de grãos com espessura maior que 2mm, baixos níveis de acidez e alto rendimento industrial (BRASIL, 1975).

As variações que ocorrem no cenário agrícola vêm de novas cultivares de aveia branca provenientes de distintos programas de melhoramento. Existe então um enorme esforço de melhoristas para adequar as novas constituições genéticas a esses diferentes interesses e sistemas de cultivo, tendo como base cultivares já lançadas que apresentam um alto rendimento e com alta qualidade nos grãos para compor cruzamentos artificiais visando possibilitar ganhos nessas características mais rapidamente (HARTWIG, 2007). Os programas de melhoramento vêm trabalhando e se dedicando ao desenvolvimento de genótipos de aveia com adaptação e resistência/tolerância aos principais fatores abióticos e bióticos. (FEDERIZZI, 1991).

1.7 Qualidade nutricional da aveia branca

O grão da aveia é composto em média por 25% de casca, 9% de pericarpo juntamente com a testa da camada de aleurona, 63% de endosperma amiláceo e 3% correspondente ao embrião, contudo podem ocorrer mudanças nesses

teores de acordo com a linhagem ou cultivar como também pelos efeitos ambientais (ZHOU *et al.*, 1998; BUTT *et al.*, 2008).

A aveia tem níveis proteicos médios nos grãos de 17%, teores de lipídeos totais médios iguais a 6,9%, 66,26% de carboidratos e 10,6% de fibras totais, além de apresentar em sua constituição vitaminas, sendo uma das principais a vitamina E, minerais, antioxidantes e aminoácidos essenciais como lisina e metionina, importantes para a saúde humana (USDA – *National Nutrient Database for Standard Reference*, 2010).

Para teores de proteína podem variar de 9 a 25% no grão descascado, com um perfil de aminoácidos equilibrados e com alta digestibilidade (PETERSON, 1992; ZHOU *et al.*, 1998; BEBER, 2002; CRESTANI, 2010). Em torno de 70% da fração de proteína é constituída pelas globulinas, onde são proteínas ativas no organismo humano ricas em lisina, triptofano e metionina (LOCKHART; HURT, 1986).

Os teores lipídicos variam entre 2,5 e 11,8%, sendo distribuídos em todo o grão e apresentando capacidade antioxidante, com predominância de ácidos graxos insaturados (ANDERSON; CHEN, 1986; HUMPHREYS *et al.*, 1994; LÁSZTITY, 1998; ZHOU *et al.*, 1999; BEBER, 2002; CRESTANI, 2011). Os ácidos palmíticos, oléicos e linoléicos são o que mais se encontram na aveia representando aproximadamente 95% do total (GUTKOSKI; EL-DASH, 1999).

Os lipídeos são facilmente alvo de enzimas hidrolíticas, sendo apontados como responsáveis pela instabilidade no armazenamento do cereal como produtos provenientes de aveia (GUTKOSKI; PEDÓ, 2000).

Estudos de cultivares brasileiras de aveia branca não demonstram a presença de glúten na sua composição, assim indicando que esse cereal possa auxiliar na dieta de portadores de doença celíaca (VIEIRA, 2001).

O teor total de carboidratos que estão presentes em aveia, juntamente com a celulose e polissacarídeos não amiláceos podem chegar de 75 a 80% da massa seca dos grãos, sendo o amido então o componente principal. Além disso, possui altas proporções de polissacarídeos não amiláceos, que são os principais constituintes das fibras alimentares (SÁ *et al.*, 2000). O teor de amido no grão atinge de 43,7 a 61% do conteúdo total de carboidratos (PETERSON; SMITH, 1976; WELCH, 1995).

A relação de ácidos graxos insaturados sobre os ácidos graxos saturados é em torno de 3, teor superior ao recomendado pelos órgãos de saúde que é de 1. Estas

propriedades antioxidantes da aveia demonstram que ela é um componente importantíssimo para dietas (LOCKHART; HURT, 1986).

As fibras alimentares presentes no grão de aveia podem ser classificadas como solúveis e insolúveis, sendo as solúveis compostas por pectinas, β -glucanas, gomas, mucilagens e algumas hemiceluloses (2,3 a 7,3%) e as fibras insolúveis compostas por pectinas insolúveis, ligninas, celulose e hemiceluloses (4,9 a 9,2%) (WALKER, 1993; MANTHEY *et al.*, 1999; GUTKOSKI; TROMBETTA, 1999; SILVA; CIOCCA, 2005; BUTT *et al.*, 2008).

Fibras insolúveis possuem a capacidade de reter água, auxiliando no aumento de volume e da frequência fecal, assim acelerando o trânsito intestinal, contribuindo com a prevenção de doenças gastrointestinais (ANDERSON, 1985. Mc DONALD *et al.*, 1992).

Fibras solúveis, são diferentes das fibras insolúveis quando aos efeitos fisiológicos, porque quando ingeridas, essas fibras formam soluções viscosas que amparam a diminuição da velocidade de trânsito intestinal, assim retardando o esvaziamento gástrico, diminuindo os níveis de insulina e aumentando a absorção da glicose e colesterol no intestino (ANDERSON, 1985; WOOD, 1991; MANTHEY *et al.*, 1999; CUMMINGS; STEPHEN, 2007).

A aveia sintetiza uma classe de compostos conhecidos como avenantramidas (Av), que são amidas polifenólicas solúveis e únicas. Essas substâncias, compostas por cerca de 40 derivados de ácido antranílico e ácido hidroxicinâmico, foram identificadas e classificadas com base em sua estrutura molecular (COLLINS, 1986; COLLINS, 1987; BRATT; *et al.*, 2003).

As Av são consideradas fitoalexinas de baixo peso molecular, encontradas principalmente nas folhas e sementes de aveia durante a germinação, com maior concentração na casca e camada subaleurona dos grãos (WISE, 2011).

Avenantramidas têm sido demonstradas como potencialmente capazes de afetar o status antioxidante em humanos, aumentando a glutatona plasmática, embora não tenha sido determinado se essa alteração resultou de um aumento na liberação ou síntese hepática, reciclagem aprimorada ou algum outro mecanismo (CHEN, 2007).

1.8 Marcadores moleculares

As técnicas de genética e biologia molecular têm desempenhado um papel significativo na pesquisa vegetal, possibilitando estudos sobre evolução, diversidade genética e identificação de novas variantes. Essas informações são essenciais para orientar várias etapas da pesquisa, desde a coleta até o uso dos recursos genéticos em programas de melhoramento de plantas (FALEIRO, 2007).

Com os avanços na genética e biologia molecular, incluindo o surgimento da tecnologia do DNA recombinante, da reação em cadeia da polimerase (PCR) e do sequenciamento automático do DNA, têm proporcionado o desenvolvimento de poderosas técnicas para a criação de marcadores genéticos. Esses marcadores são essenciais na identificação, caracterização e avaliação dos recursos genéticos vegetais. (AYAD *et al.*, 1997).

Dentre as vantagens dos marcadores moleculares, destacam-se a capacidade de obter um número praticamente ilimitado de polimorfismos genéticos, a identificação direta do genótipo sem interferência do ambiente, e a capacidade de detectar esses polimorfismos em qualquer estágio do desenvolvimento da planta, assim como a partir de culturas de células ou tecidos. Além disso, existe a possibilidade de gerar uma maior quantidade de informação genética por loco no caso de marcadores co-dominantes (FALEIRO, 2007).

Dentre os diversos tipos de marcadores moleculares disponíveis, os microsatélites, também conhecidos como SSRs (*Simple Sequence Repeats*), mantem-se como uma classe altamente informativa. Esses marcadores ainda são amplamente utilizados na genética e no melhoramento de plantas devido à sua reprodutibilidade, natureza multi-alélica, caráter co-dominante e presença abundante em diferentes genomas (TEMNYKH *et al.*, 2001; VARSHNEY *et al.*, 2005). Essas características conferem aos SSRs uma versatilidade que os torna valiosos em uma variedade de aplicações, desde estudos de diversidade genética até a análise de parentesco em programas de melhoramento vegetal.

Microsatélites são sequências de DNA constituídas por 1, 2, 3, 4, 5 ou 6 nucleotídeos que podem estar repetidas em tandem, podendo ser chamados de mono-, di-, tri-, tetra-, penta- e hexâmeros (LITT, 1989; MORGANTE, 2002).

Trechos de DNA repetitivos, chamados de microsatélites, são suscetíveis a eventos de "escorregamento" (*slippage*) durante a replicação, levando à inserção ou

deleção de nucleotídeos. Essas regiões são propensas a formar estruturas como laços ou grampos (*hairpins*). Além disso, outros processos como *crossing-over* desigual e a presença de elementos transponíveis *Alu* (transposons) também podem contribuir para essas alterações (LI, *et al.*, 2002; OLIVEIRA, *et al.*, 2006; ROSE, 1998; ZHU, 2000), promovendo dessa forma o aumento ou a redução no tamanho da sequência de repetição.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Pesquisa e identificação de dados citogenéticos

Os dados citogenéticos foram obtidos através do banco de dados IPK LEIBNIZ (LUX, 2022), onde foram utilizados como principais dados os genomas completos sequenciados das espécies *Avena longiglumis*, *Avena insularis* e *Avena sativa*. Os dados utilizados foram obtidos através das sequências presentes em cada um dos genomas sendo eles diploide (2x AA), tetraploide (4x CCDD) e hexaploide (6x AACCCDD), tendo um número base de 7 cromossomos igual para todas espécies. Os arquivos que compreendem as anotações gênicas de cada espécie foram usados, ou seja, arquivos com dados de informação sobre os genes que estão presentes em cada uma das espécies e dentro de cada genoma, respectivamente, como também o arquivo ontológico que representa a função de cada gene.

2.2 Limpeza e filtragens iniciais do banco de dados

O banco de dados oferece as informações em arquivos como fasta ou fa que representam dados sequenciais, sendo eles o tipo de formatação de arquivo para se poder usar em programas específicos. Desta forma, estes arquivos vão possuir os dados referentes a sequências de DNA ou mesmo de proteínas presentes nos genomas. Apresentam também arquivos gff3 que oferecem a localização de regiões gênicas ou intergênicas ou até mesmo regiões não identificadas dentro do genoma, esses arquivos são sempre dispostos com o ID do gene com o cromossomo onde ele está presente, a posição inicial e terminal do gene, qual o tipo que está associado, podendo ser éxons, íntrons, genes, mRNA, CDS ou UTR (regiões não traduzidas). Os dados foram formatados em TSV (Tab-separated Values) ou CSV (Comma-separated Values), ambos arquivos são muito utilizados para tabulação de dados, pois podem ser facilmente acessados por programas de bioinformática.

2.3 Busca de microssatélites (SSRs)

Os SSRs (*Simple Sequence Repeat*) são encontrados nas sequências de DNA presentes em cada genoma. Para fazer a busca de SSRs foi utilizado o software KRAIT (DU L, 2018), um programa que utiliza arquivos tipo fasta ou fa. Esse programa procura dentro do arquivo sequências para cada tipo de microssatélite. Os parâmetros definidos para a pesquisa foram doze para monômeros, sete para dímeros, cinco para trímeros e quatro para tetrâmeros, pentâmeros e hexâmetros (MAIA, *et al.*, 2008).

A organização dos arquivos foi realizada separando por cromossomo por genoma, mantendo o mesmo formato obtido pelo banco de dados. Após inserir o arquivo no programa e procurar os SSRs, o mesmo gerou um arquivo contendo informações como a identificação de cada SSR como a qual cromossomo ele pertence, posição inicial e final, comprimento da sequência, qual a combinação e nucleotídeos da sequência, o tipo de SSR e quantas vezes é repetido o SSR.

2.4 Limpeza e filtragem dos SSRs

A limpeza e filtragem dos SSRs foi feita de forma padronizada para todos os genomas para atender as especificações da linguagem de programação PERL (PERL FOUNDATION, 2024), onde foram feitas associações de dados como comprimento de cada cromossomo com a distribuição de cada tipo de microssatélites ao longo de seus respectivos cromossomos, sendo feitas modificações usando PERL. O PERL é uma linguagem de programação. Através de um arquivo perl executável é possível fazer um script que reproduza a alteração em um arquivo inteiro, sendo ele junção de dados, limpeza, busca e alteração ou inserção de dados.

2.5 Quantificação de SSRs

Para quantificação de microssatélites foram utilizadas duas linguagens de programação em conjunto, o PERL e o R STUDIO (R CORE TEAM, 2024), onde o R fornece a parte visual e gráfica dos dados obtidos, sendo utilizado de forma conjunta com o PERL.

2.6 Identificação de SSRs dentro de genes

Através do PERL foi feito um script para localizar os genes presentes em um arquivo gff3 de cada espécie em cada um dos cromossomos de cada genoma e uma associação de microssatélites com genes onde, apenas foram filtrados, os SSRs presentes dentro do loco do gene.

2.7 Análise Ontológica dos genes com SSRs

Após a obtenção dos arquivos tabulados de SSRs junto com os genes de interesse foi feito um novo script para associar esses genes a um arquivo fasta contendo a sequência proteica do gene. Após juntar e analisar ambos os arquivos, foi realizado um BLASTP (*Basic Local Alignment Search Tool Protein*), uma ferramenta que possibilita comparar sequências de proteína com bancos de dados para encontrar regiões similares e assim dizer a função de cada sequência de cada gene, com o auxílio do programa OMICSBOX (BioBam, 2024).

Após a obtenção dos resultados a partir do OMICSBOX foi feita uma análise gráfica dos resultados, demonstrando os genes e ontologia responsáveis pela função molecular, componente celular e processo biológico.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os dados obtidos para análise de SSRs pelo banco de dados do IPK LEIBNIZ INSTITUTE (<https://doi.ipk-gatersleben.de/DOI/43ec5a99-d7b6-4a28-b9d8-4a6ec81a60fd/bc36ea85-b944-4bc3-a52f-f78596335ea5/2/>) foram pseudomoléculas das espécies *Avena longiglumis*, *Avena insularis* e *Avena sativa*, usando os genomas completos nos tamanhos de 3.671.893.323 pb, 6.924.079.261 pb e 10.270.447.613 pb, não sendo contabilizado regiões não identificadas nesses genomas.

3.1 Limpeza e filtragem das pseudomoléculas

A limpeza foi feita a partir de um *script* no programa PERL, o qual separou o genoma completo dessas espécies por subgenoma e por cromossomo (Anexo 1),

dessa forma dividindo a *A. longiglumis* como genoma AA com cromossomos de 1 ao 7, para a *A. insularis* separada em seus dois genomas CC e DD com cromossomos de 1 ao 7 e a *A. sativa* dividida em três genomas AA, CC e DD, com cromossomos de 1 ao 7 (Anexo 2).

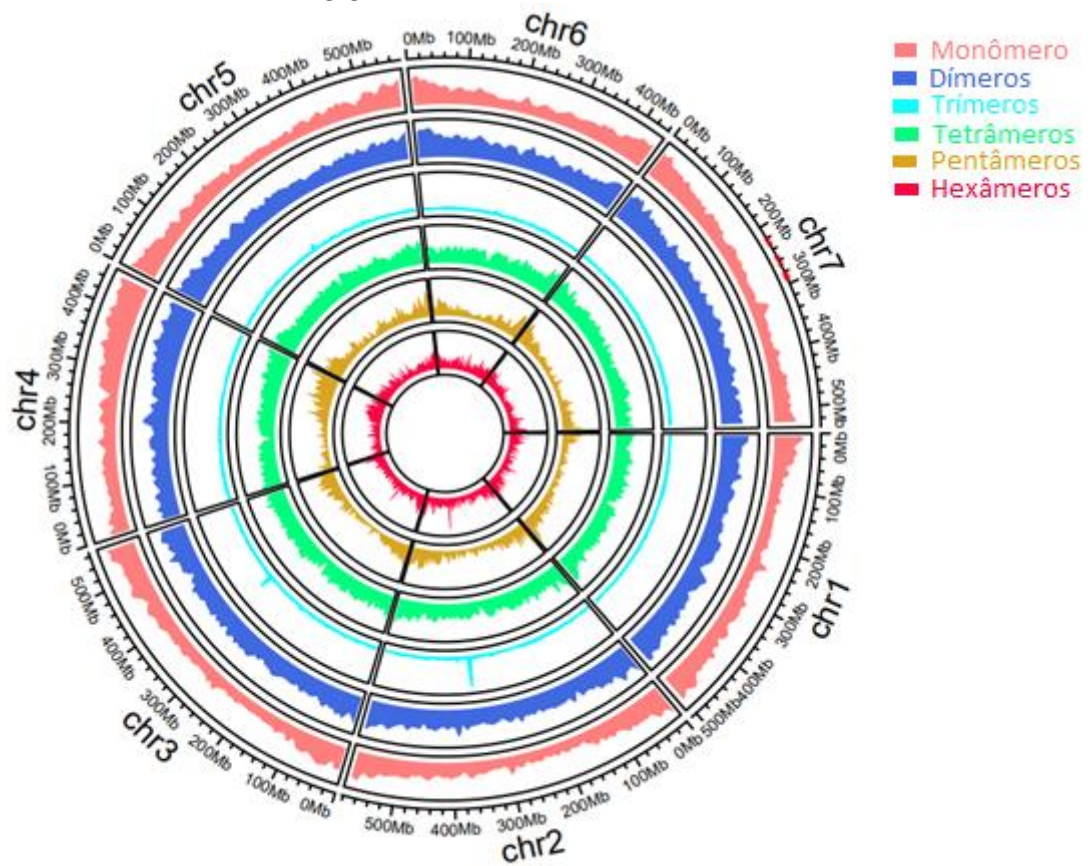
3.2 Busca de microssatélites (SSRs)

A análise de microssatélites foi feita individualmente por cromossomo de cada genoma das três espécies de aveia, utilizando o programa KRAIT. Para fazer a análise foi usado o arquivo limpo de cada cromossomo, onde os parâmetros do programa foram estabelecidos para a quantidade mínima de repetições para cada tipo de microssatélite, sendo doze para monômeros, sete para dímeros, cinco para trímeros e quatro para tetrâmeros, pentâmeros e hexâmeros.

O programa encontrou 1.128.997 microssatélites ao todo contabilizando as três espécies (Tabela 1), mais especificamente 237.319 SSRs para a espécie *A. longiglumis*, 389.015 SSRs para *A. insularis* e 502.663 SSRs para *A. sativa*. Foi organizado posteriormente por tipo de microssatélite e também por cromossomo, podendo ser estudado de melhor forma (Tabelas 2, 3, 4, 5, 6 e 7). Foi observado que a maior quantidade de microssatélites encontrada em todos os genomas foi de trímeros. Isto pode ser explicado pelo fato que trímeros que ocorrem dentro de genes formam códons que codificam aminoácidos para proteínas específicas.

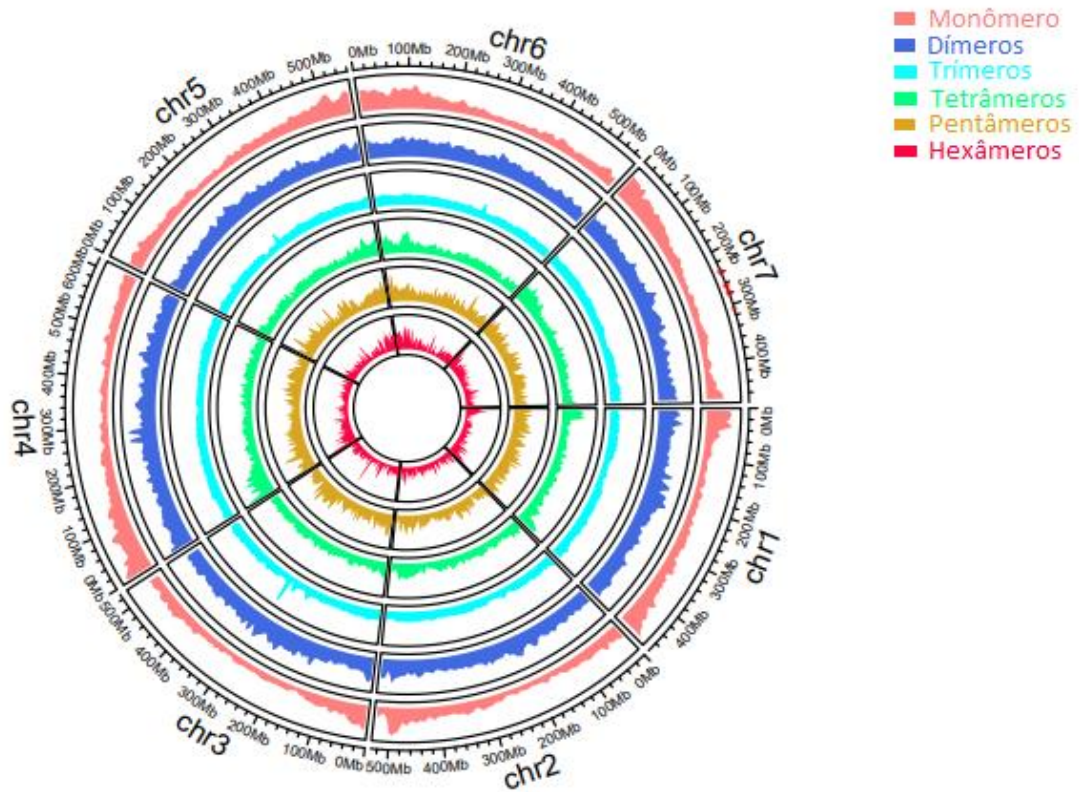
Foram feitos gráficos de distribuição dos tipos de microssatélites ao longo de seus respectivos cromossomos como também para cada genoma de sua respectiva espécie (Figuras 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7)

Figura 1: Distribuição de tipos de microssatélites dentro de cada cromossomo no genoma AA da *Avena longiglumis*. CGF – UFPel, 2024



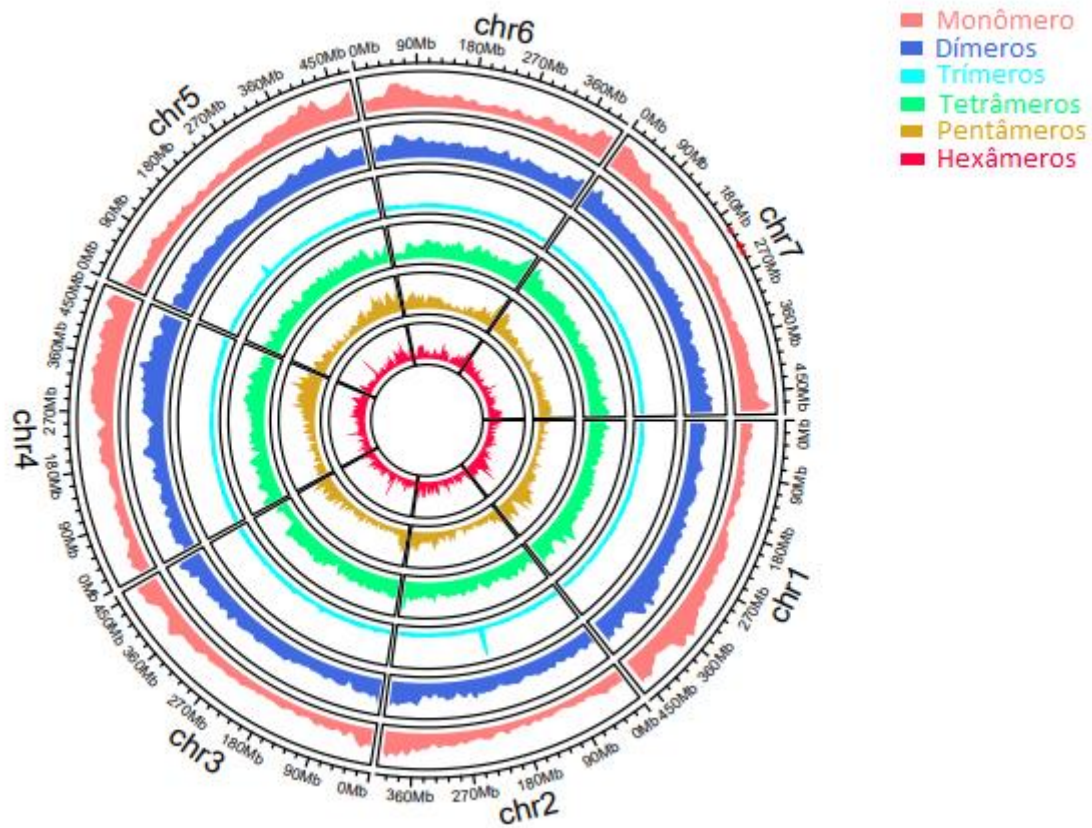
Fonte: Arquivo pessoal

Figura 2: Distribuição de tipos de microssatélites dentro de cada cromossomo no genoma CC da *Avena insularis*. CGF – UFPel, 2024



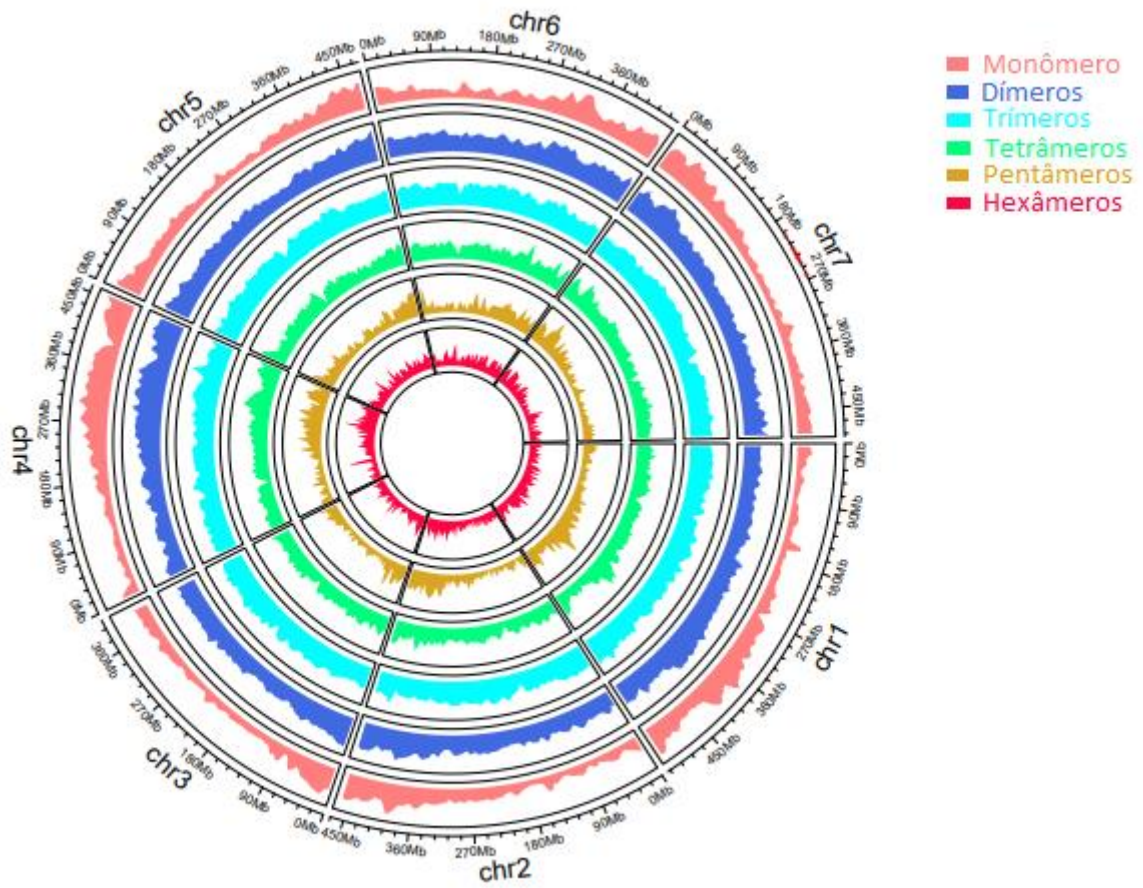
Fonte: Arquivo pessoal

Figura 3: Distribuição de tipos de microssatélites dentro de cada cromossomo no genoma DD da *Avena insularis*. CGF – UFPel, 2024



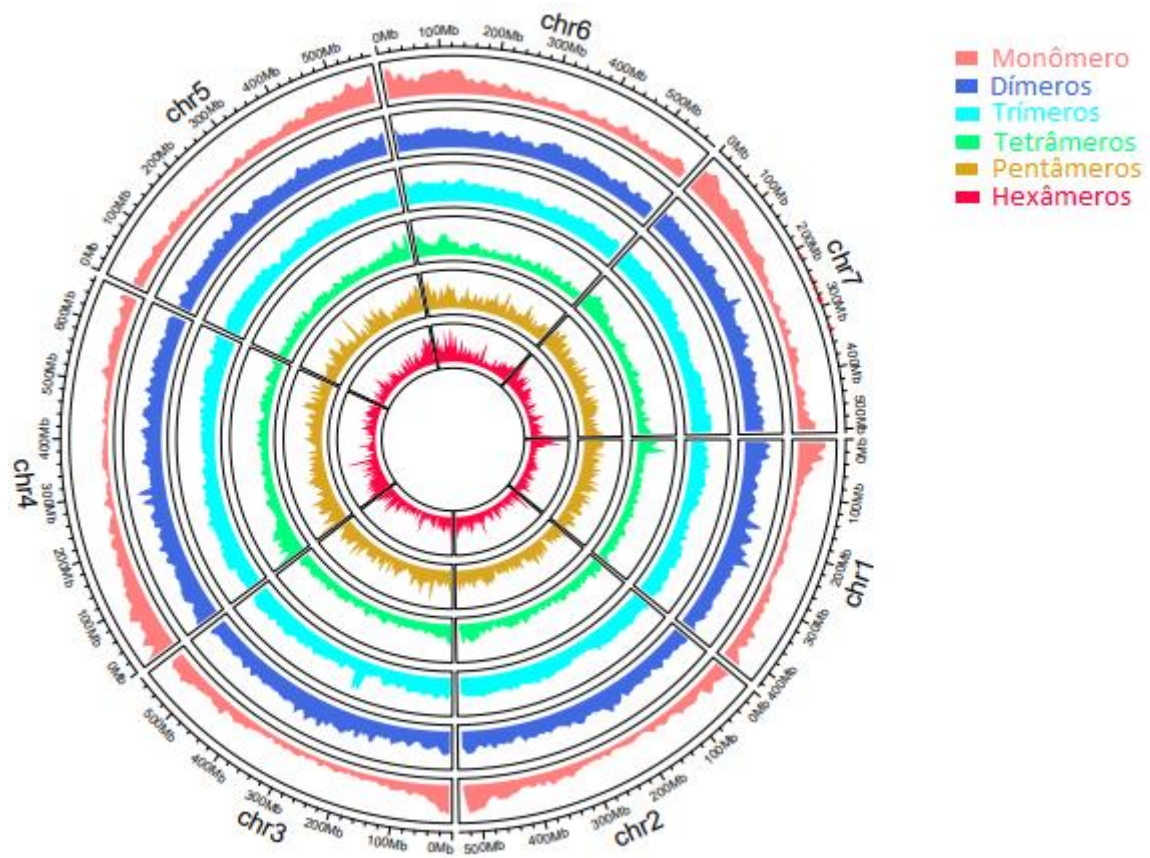
Fonte: Arquivo pessoal

Figura 4: Distribuição de tipos de microssatélites dentro de cada cromossomo no genoma AA da *Avena sativa*. CGF – UFPel, 2024



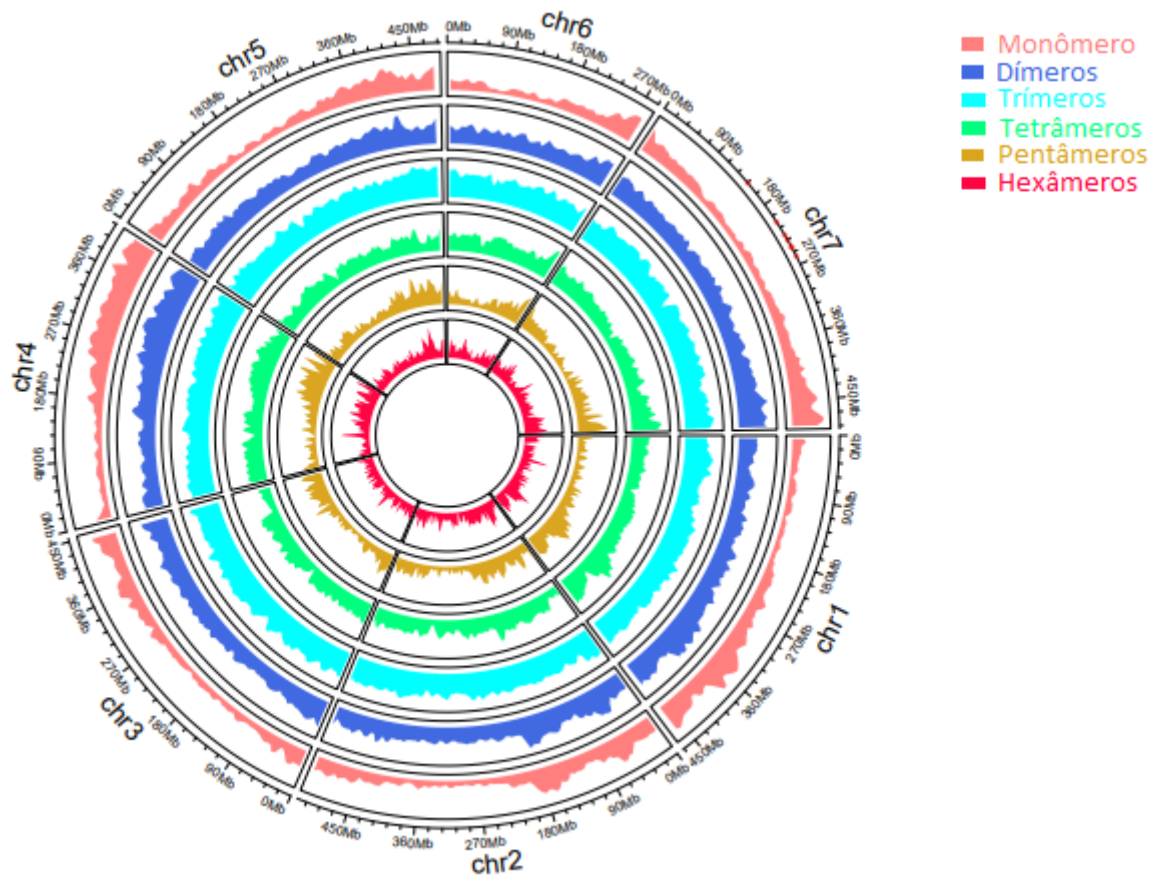
Fonte: Arquivo pessoal

Figura 5: Distribuição de tipos de microssatélites dentro de cada cromossomo no genoma CC da *Avena sativa*. CGF – UFPel, 2024



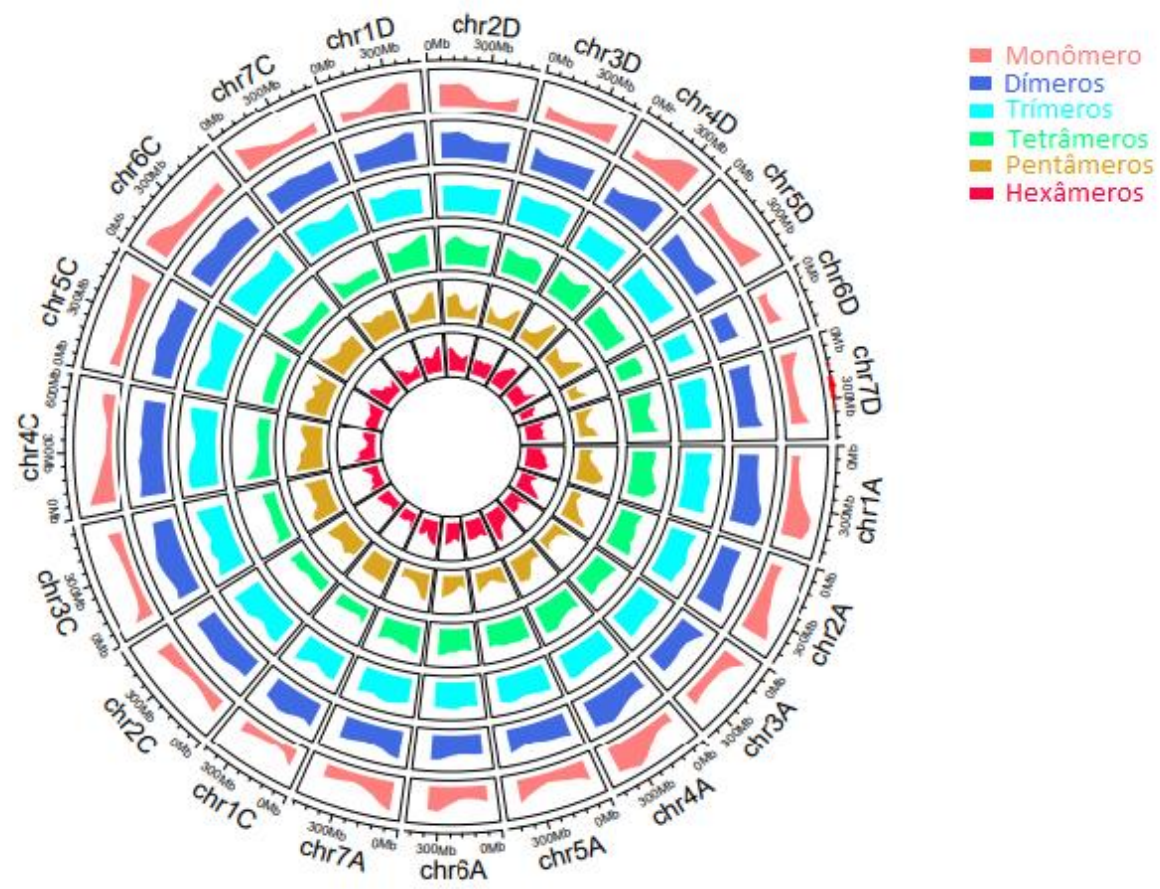
Fonte: Arquivo pessoal

Figura 6: Distribuição de tipos de microssatélites dentro de cada cromossomo no genoma DD da *Avena sativa*. CGF – UFPel, 2024



Fonte: Arquivo pessoal

Figura 7: Distribuição de tipos de microssatélites dentro de cada cromossomo nos genomas AA, CC e DD da *Avena sativa*. CGF – UFPel, 2024.



Fonte: Arquivo pessoal

Tabela 1 - Total de cada tipo de microssatélite em cada genoma das espécies *Avena longiglumis*, *Avena insularis* e *Avena sativa*. CGF – UFPel, 2024.

Genomas	Microssatélites (SSRs)					
	Mono	Di	Tri	Tetra	Penta	Hexa
<i>A. longiglumis</i> AA	55.103	56.466	91.125	25.527	4.721	4.377
<i>A. insularis</i> CC	29.741	53.275	96.873	15.256	6.649	3.097
<i>A. insularis</i> DD	29.979	42.765	80.567	22.843	4.377	3.593
<i>A. sativa</i> AA	17.827	44.050	75.327	20.479	4.118	3.512
<i>A. sativa</i> CC	15.240	50.476	92.467	14.087	6.249	2.977
<i>A. sativa</i> DD	15.107	39.816	73.575	20.056	4.082	3.218
Total	162.997	286.848	509.934	118.248	30.196	20.774

Tabela 2 – Distribuição de tipos de microssatélites por cromossomo no genoma AA da *Avena longiglumis*. CGF – UFPel, 2024.

SSRs	<i>Avena longiglumis</i> - Genoma AA						
	Chr1	Chr2	Chr3	Chr4	Chr5	Chr6	Chr7
Monômeros	7.563	8.686	8.346	7.852	8.422	6.767	7.467
Dímeros	7.892	9.050	8.571	7.238	8.723	6.916	8.076
Trímeros	11.967	16.002	14.577	10.691	14.255	10.603	13.030
Tetrâmeros	3.538	4.023	3.925	3.291	4.219	3.034	3.497
Pentâmeros	611	763	679	676	806	555	631
Hexâmeros	591	718	654	588	696	561	569
Total	32.162	39.242	36.752	30.336	37.121	28.436	33.270

Tabela 3 - Distribuição de tipos de microssatélites por cromossomo no genoma CC da *Avena insularis*. CGF – UFPel, 2024.

SSRs	<i>Avena insularis</i> - Genoma CC						
	Chr1	Chr2	Chr3	Chr4	Chr5	Chr6	Chr7
Monômeros	4.061	3.930	3.622	4.964	4.575	4.668	3.921
Dímeros	7.073	7.221	7.768	9.132	7.606	7.652	6.823
Trímeros	12.024	13.513	14.006	15.371	14.792	14.627	12.540
Tetrâmeros	2.069	1.998	1.948	2.712	2.304	2.206	2.019
Pentâmeros	919	796	951	1136	1.034	984	829
Hexâmeros	390	391	389	512	483	525	407
Total	26.536	27.849	28.684	33.827	30.794	30.662	26.539

Tabela 4 - Distribuição de tipos de microssatélites por cromossomo no genoma DD da *Avena insularis*. CGF – UFPel, 2024.

SSRs	<i>Avena insularis</i> - Genoma DD						
	Chr1	Chr2	Chr3	Chr4	Chr5	Chr6	Chr7
Monômeros	4.634	3.361	3.832	5.206	4.550	3.889	4.507
Dímeros	6.498	5.293	5.888	6.672	6.394	5.520	6.500
Trímeros	10.996	11.566	11.895	11.439	12.572	10.095	12.004
Tetrâmeros	3.557	2.940	3.117	3.430	3.374	2.977	3.448
Pentâmeros	625	509	571	745	736	578	613
Hexâmeros	576	462	462	572	528	454	539
Total	26.886	24.131	25.765	28.064	28.154	23.513	27.611

Tabela 5 - Distribuição de tipos de microssatélites por cromossomo no genoma AA da *Avena sativa*. CGF – UFPel, 2024.

SSRs	<i>Avena sativa</i> - Genoma AA						
	Chr1	Chr2	Chr3	Chr4	Chr5	Chr6	Chr7
Monômeros	2.932	2.556	1.892	2.898	2.525	2.518	2.506
Dímeros	7.121	6.203	5.256	6.551	6.319	6.000	6.600
Trímeros	12.358	10.764	9.495	10.288	11.088	10.204	11.130
Tetrâmeros	3.257	2.911	2.451	3.035	3.028	2.877	2.920
Pentâmeros	737	559	433	642	622	560	565
Hexâmeros	579	492	387	550	517	490	497
Total	26.984	23.485	19.914	23.964	24.099	22.649	24.218

Tabela 6 - Distribuição de tipos de microssatélites por cromossomo no genoma CC da *Avena sativa*. CGF – UFPel, 2024.

SSRs	<i>Avena sativa</i> – Genoma CC						
	Chr1	Chr2	Chr3	Chr4	Chr5	Chr6	Chr7
Monômeros	1.466	2.130	2.081	2.535	2.259	2.647	2.122
Dímeros	5.744	6.845	7.678	8.781	7.222	7.468	6.738
Trímeros	9.423	13.069	13.591	15.437	13.977	14.443	12.527
Tetrâmeros	1.474	1.881	1.982	2.530	2.170	2.149	1.901
Pentâmeros	725	791	923	1.096	933	956	825
Hexâmeros	303	379	409	514	464	526	382
Total	19.135	25.095	26.664	30.893	27.025	28.189	24.495

Tabela 7 - Distribuição de tipos de microssatélites por cromossomo no genoma DD da *Avena sativa*. CGF – UFPel, 2024.

SSRs	<i>Avena sativa</i> – Genoma DD						
	Chr1	Chr2	Chr3	Chr4	Chr5	Chr6	Chr7
Monômeros	2.388	2.505	1.878	2.474	2.377	1.180	2.305
Dímeros	6.197	6.536	5.533	5.785	6.108	3.434	6.223
Trímeros	10.794	12.064	10.864	9.706	11.805	6.761	11.581
Tetrâmeros	3.267	3.157	2.648	2.828	3.014	1.974	3.168
Pentâmeros	633	645	548	608	701	353	594
Hexâmeros	523	527	401	476	488	269	534
Total	23.802	25.434	21.872	21.877	24.493	13.971	24.405

Também foi possível observar como os microssatélites estão distribuídos dentro de cada genoma, ou seja, a que distância em pares de bases ocorrem a

presença de um microsatélite no genoma de cada espécie (Tabela 8). Os dados demonstram que para a *A. longiglumis* existe a presença de um microsatélite a cada 15.472 pares de bases dentro do seu genoma AA. Para a *A. insularis* (genoma CC) há um SSR a cada 18.281 pares de base, e para seu genoma DD existe um SSR a cada 17.262 pares de base. Na *A. sativa* consegue-se notar uma diminuição de microsatélites por genoma como também a distância entre microsatélites é maior do que de suas ancestrais, podendo ser observada a presença de SSR para o genoma AA, CC e DD a cada 19.825, 21.310 e 20.053, respectivamente.

Tabela 8 – Tamanho dos genomas, quantidade total de microsatélites por genoma e distância entre microsatélites dentro de cada genoma. CGF – UFPel, 2024.

Genoma	Total de SSRs Genoma	Tamanho Genoma	Distância entre SSR	Tamanho Genoma (pb)
<i>A. longiglumis</i> AA	237.319	3.671.893.323	15.472	10.595.972.584
<i>A. insularis</i> CC	204.891	3.745.709.486	18.281	
<i>A. insularis</i> DD	184.124	3.178.369.775	17.262	
<i>A. sativa</i> AA	165.313	3.277.343.703	19.825	10.270.447.613
<i>A. sativa</i> CC	181.496	3.867.704.934	21.310	
<i>A. sativa</i> DD	155.854	3.125.398.976	20.053	

3.3 Identificação de SSRs dentro de genes

A identificação dos genes foi feita através de um arquivo gff3 onde continha todas as regiões gênicas, intergênicas e não traduzidas (UTR) dentro de cada espécie. Foi feito um *script* no programa PERL para dividir essas regiões e foram utilizadas apenas regiões onde continham genes separados por cada cromossomo por genoma, e foi feita uma associação onde deveria juntar apenas SSRs presentes dentro do gene, considerando todos os tipos de microsatélites. Em *A. longiglumis* no genoma AA foram associados 16.261 SSRs dentro de genes, para o genoma CC da *A. insularis* foi associado 14.462 SSRs e no genoma DD foi associado 13.408 SSRs, na *A. sativa* para os genomas AA, CC e DD foram associados respectivamente 13.735, 11.593 e 13.194 SSRs dentro de genes (Tabela 9).

Tabela 9 – Microssatélites presentes dentro de genes por genoma. CGF – UFPel, 2024.

Genoma	Chr1	Chr2	Chr3	Chr4	Chr5	Chr6	Chr7	Total genoma
<i>A. longiglumis</i> AA	2.260	2.517	2.359	2.272	2.925	1.944	1.984	16.261
<i>A. insularis</i> CC	1.620	1.924	1.633	2.456	2.584	2.262	1.983	14.462
<i>A. insularis</i> DD	2.273	1.450	1.616	2.256	2.083	1.775	1.955	13.408
<i>A. sativa</i> AA	2.296	1.793	1.343	2.412	2.120	1.970	1.801	13.735
<i>A. sativa</i> CC	995	1.520	1.561	2.086	1.922	1.909	1.600	11.593
<i>A. sativa</i> DD	2.269	2.039	1.528	2.226	2.087	1.126	1.919	13.194

Similarmente ao número total de SSRs, foi observada uma diminuição na quantidade de SSRs dentro de genes das ancestrais comparados com a *A. sativa*, totalizando uma diminuição de 15,53% entre genomas AA, 19,83% entre genomas CC e de 1,59% entre os genomas DD.

3.4 Análise Ontológica

Através de um arquivo fasta obtido com as funções proteicas de cada espécie, foi feita uma associação com o ID de cada gene associado com SSR. Foi realizado um BLASTP no programa OMICSBOX, para obter a função de cada sequência proteica dentro de cada genoma para cada espécie. Após o resultado do BLASTP foi feita uma anotação no *Gene Ontology Annotation* (nível 3), para que as funções observadas dentro de cada processo sejam de forma não tão detalhada e mostre apenas as principais funções, ou seja, quanto maior o nível de procura maior a especificação da proteína. O programa faz distribuição da função dessas proteínas para três grupos que são responsáveis pelo processo biológico, função molecular e componente celular (Tabela 10).

Tabela 10 – Distribuição dos microssatélites dentro genes de cada genoma de cada espécie de aveia associados a funções proteicas funcionais. CGF – UFPel, 2024.

Genoma	Processo Biológico	Função Molecular	Componente Celular
<i>A. longiglumis</i> AA	4.401	4.743	4.262
<i>A. insularis</i> CC	4.014	4.336	3.925
<i>A. insularis</i> DD	3.605	3.983	3.508
<i>A. sativa</i> AA	3.631	3.923	3.540
<i>A. sativa</i> CC	3.236	3.457	3.160
<i>A. sativa</i> DD	3.481	3.802	3.410

Os dados obtidos demonstram uma diminuição de proteínas com funções nos genomas da *A. sativa* quando comparada a suas ancestrais de em média 13,95% para todos os processos e de 13,91% para processo biológico, 14,39% para função molecular e de 13,55% para componente celular.

Foi observada também a quantidade total de genes associados a processos funcionais (Tabela 11), onde foi feita a porcentagem de quantas proteínas possuem suas funções conhecidas.

Tabela 11 – Porcentagem de genes com microssatélites que possuem função proteica das aveias no gene ontology. CGF – UFPel, 2024.

Genoma	Processo Biológico %	Função Molecular %	Componente Celular %
<i>A. longiglumis</i> AA	27,06	29,17	26,21
<i>A. insularis</i> CC	27,76	29,98	27,14
<i>A. insularis</i> DD	26,89	29,71	26,16
<i>A. sativa</i> AA	26,44	28,56	25,77
<i>A. sativa</i> CC	27,91	29,82	27,26
<i>A. sativa</i> DD	26,38	28,82	25,85

As funções para cada genoma foram distribuídas a partir do GENE ONTOLOGY ANNOTATION, demonstrando a quantidade de genes associados dentro de cada função dos três processos analisados (Tabelas 12, 13 e 14).

Foi obtida o gráfico da distribuição das funções proteicas para processo biológico, função molecular e componente celular através do programa OMICSBOX (Anexos 3 a 20).

Tabela 12 – Funções dos genes com microsatélites dentro de cada genoma das aveias para processo biológico. CGF – UFPel, 2024.

Processo Biológico	AA A. <i>longiglumis</i>	%	CC A. <i>insularis</i>	%	DD A. <i>insularis</i>	%	AA A. <i>sativa</i>	%	CC A. <i>sativa</i>	%	DD A. <i>sativa</i>	%
Transporte transmembranar	445	2,87	NA	NA	367	2,86	NA	NA	NA	NA	350	2,76
Organização ou biogênese de componentes celulares	706	4,56	661	4,86	590	4,6	581	4,52	555	4,85	598	4,71
Regulação do processo metabólico	730	4,72	702	5,17	650	5,07	609	4,73	582	5,08	617	4,86
Processo catabólico	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	NA	353	2,78
Processo biossintético	1600	10,34	1524	11,21	1327	10,35	1348	10,47	1228	10,72	1273	10,02
Resposta ao estresse	461	2,98	NA	NA	373	2,91	365	2,84	326	2,85	348	2,74
Processo metabólico celular	2365	15,28	2189	16,11	1973	15,4	1960	15,23	1771	15,46	1894	14,91
Processo metabólico de moléculas pequenas	NA	NA	NA	NA	NA	NA	380	2,95	NA	NA	NA	NA
Processo metabólico de compostos de nitrogênio	1894	12,23	1773	13,05	1552	12,11	1563	12,14	1447	12,64	1468	11,56
Processo metabólico de substâncias orgânicas	2574	16,63	2364	17,39	2110	16,46	2156	16,75	1959	17,11	2029	15,97
Processo metabólico primário	2382	15,39	2189	16,11	1929	15,05	1985	15,42	1801	15,73	1846	14,53
Estabelecimento de localização	738	4,77	699	5,14	620	4,84	607	4,72	599	4,88	616	4,85
Resposta celular ao estímulo	555	3,58	507	3,73	434	3,39	462	3,59	415	3,62	447	3,52
Regulação do processo celular	1030	6,65	983	7,23	892	6,96	855	6,64	808	7,06	863	6,79
Total	15480	100	13591	100	12817	100	12871	100	11491	100	12702	100

*NA – não contam análise de dados

Tabela 13 - Funções dos genes com microsatélites dentro de cada genoma das aveias para componente celular. CGF – UFPel, 2024.

Componente Celular LV3	AA A. <i>longiglumis</i>	%	CC A. <i>insularis</i>	%	DD A. <i>insularis</i>	%	AA A. <i>sativa</i>	%	CC A. <i>sativa</i>	%	DD A. <i>sativa</i>	%
Citoplasma	1748	18,5	1676	19,03	1428	18,38	1475	17,99	1390	19,4	1416	17,79
Membrana	1870	19,8	1700	19,31	1547	19,91	1537	18,74	1304	18,2	1479	18,58
Estrutura anatômica intracelular	2899	30,69	2721	30,9	2399	30,88	2414	29,44	2255	31,47	2357	29,62
Organela	2466	26,11	2297	26,08	2028	26,1	2022	24,66	1868	26,07	1974	24,8
Sistema endomembranar	463	4,9	412	4,68	367	4,73	386	4,46	348	4,86	385	4,37
Periferia celular	NA	NA	NA	NA	NA	NA	366	4,71	NA	NA	348	4,84
Total	9446	100	8806	100	7769	100	8200	100	7165	100	7959	100

*NA – não contém dados

Tabela 14 - Funções dos genes com microsatélites dentro de cada genoma das aveias para função molecular. CGF – UFPel, 2024.

Função Molecular LV3	AA A. <i>longiglumis</i>	%	CC A. <i>insularis</i>	%	DD A. <i>insularis</i>	%	AA A. <i>sativa</i>	%	CC A. <i>sativa</i>	%	DD A. <i>sativa</i>	%
Ligação de compostos orgânicos cíclicos	2090	25,05	1949	26,01	1734	25,53	1723	25,5	1534	25,69	1658	25,37
Ligação de moléculas pequenas	1776	21,28	1587	21,18	1479	21,78	1401	20,73	1247	20,89	1384	21,18
Atividade transferase	1257	15,06	1098	14,65	1017	14,98	1024	15,15	890	14,91	979	14,98
Ligação de derivados de carboidratos	878	10,52	774	10,33	687	10,12	697	10,32	602	10,08	663	10,15
Atividade hidrolase	1018	12,2	898	11,98	783	11,53	822	12,17	718	12,03	783	11,98
Ligação de proteínas	476	5,7	452	6,03	409	6,02	400	5,92	366	6,13	389	5,95
Atividade catalítica, atuando sobre uma proteína	850	10,19	736	9,82	682	10,04	690	10,21	613	10,27	679	10,39
Total	8345	100	7494	100	6791	100	6757	100	5970	100	6535	100

Para o processo biológico foi observado que a *A. sativa* apresentou perda de genes nas respectivas funções (Tabela 15), e teve um acréscimo de 8 genes responsáveis pela organização ou biogênese de componentes celulares (1,35% de ganho no seu genoma DD comparado a sua ancestral *A. insularis*). Foi identificado um aumento de 13 genes na resposta celular ao estímulo ou 3% a mais no seu genoma DD comparado a ancestral.

No processo catabólico foi possível observar a presença apenas no genoma DD da *A. sativa* com um total de 353 genes associados a essa função e no processo metabólico de moléculas pequenas foi evidenciado apenas no genoma AA da *A. sativa* com 380 genes. De maneira geral, as demais funções da *A. sativa* foram reduzidas nos genomas AA e CC, com uma média de 17,25% no genoma AA comparando todas as funções e de 17,51% comparado ao genoma CC, já no genoma DD da *A. sativa* teve uma menor perda representando 3% entre as funções.

Nos componentes celulares da *A. sativa* houve uma perda nos genes associados às funções celulares (Tabela 16), tendo um acréscimo apenas no sistema endomembranar no genoma DD, com um aumento de 18 genes ou 4,9% de ganho comparado à sua ancestral. Para a função de periferia celular apenas a *A. sativa* contém essa determinada função, não sendo presente nos seus ancestrais, ocorrendo apenas nos genomas AA e DD, com 366 e 348 genes, respectivamente, associados a essa função. Os demais componentes da *A. sativa* tiveram uma perda média mais nos genomas AA e CC com 17,65% comparando todas as funções sem contar a função de periferia celular devido à mesma não ser presente nos ancestrais e no genoma DD a perda média de todas as funções foi de 0,95%.

As funções moleculares da *A. sativa* tiveram perda maior também nos genomas AA e CC (Tabela 17), porém não apresentaram nenhum aumento no genoma DD. Entretanto, para atividade de hidrolase não houve diferença do seu ancestral, permanecendo os dois com a mesma quantidade de genes responsáveis pela função. Em média a perda nos genomas AA e CC foram de 19,4% e do DD foi 3,34%. Considerando os três juntos, a perda média foi de 14,04%.

Tabela 15 – Porcentagem de variação de genes da *Avena sativa* comparados aos genomas dos seus ancestrais *Avena longiglumis* e *Avena insularis* associados a cada função do processo biológico. CGF – UFPel, 2024.

Processo Biológico Lv3	Avena sativa %		
	AA	CC	DD
Transporte transmembranar	NA	NA	-4,63
Organização ou biogênese de componentes celulares	-17,71	-16,04	1,36
Regulação do processo metabólico	-16,58	-17,09	-5,08
Processo catabólico	NA	NA	100
Processo biossintético	-15,75	-19,42	-4,07
Resposta ao estresse	-20,82	NA	-6,70
Processo metabólico celular	-17,12	-19,10	-4,00
Processo metabólico de moléculas pequenas	100	NA	NA
Processo metabólico de compostos de nitrogênio	-17,48	-18,39	-5,41
Processo metabólico de substâncias orgânicas	-16,24	-17,13	-3,84
Processo metabólico primário	-16,67	-17,72	-4,30
Estabelecimento de localização	-17,75	-14,31	-0,65
Resposta celular ao estímulo	-16,76	-18,15	3,00
Regulação do processo celular	-16,99	-17,80	-3,25

*NA – não contam análise de dados

Tabela 16 - Porcentagem de variação de genes da *Avena sativa* comparados aos genomas dos seus ancestrais *Avena longiglumis* e *Avena insularis* associados a cada função de componente celular. CGF – UFPel, 2024.

Componente Celular LV3	Avena sativa %		
	AA	CC	DD
Citoplasma	-15,62	-17,06	-0,84
Membrana	-17,81	-23,29	-4,40
Estrutura anatômica intracelular	-16,73	-17,13	-1,75
Organela	-18,00	-18,68	-2,66
Sistema endomembranar	-16,63	-15,53	4,90
Periferia celular	100	NA	100

*NA – não contam análise de dados

Tabela 17 - Porcentagem de variação de genes da *Avena sativa* comparados aos genomas dos seus ancestrais *Avena longiglumis* e *Avena insularis* associados a função molecular. CGF – UFPel, 2024.

Função molecular LV3	Avena sativa %		
	AA	CC	DD
Ligação de compostos orgânicos cíclicos	-17,56	-21,29	-4,38
Ligação de moléculas pequenas	-21,11	-21,42	-6,42
Atividade transferase	-18,54	-18,94	-3,74
Ligação de derivados de carboidratos	-20,62	-22,22	-3,49
Atividade hidrolase	-19,25	-20,04	0,00
Ligação de proteínas	-15,97	-19,03	-4,89
Atividade catalítica, atuando sobre uma proteína	-18,82	-16,71	-0,44

Analisando os dados extraídos do banco de dados, é observada uma diminuição na quantidade total de pares de bases nos genomas da *Avena sativa* em comparação com as ancestrais, representando uma diferença de 325.524.971 pares de bases, correspondendo a uma redução de cerca de 3,07% em relação à soma dos três genomas ancestrais combinados.

Os microssatélites identificados nos genomas mostraram uma redução na *A. sativa* em comparação com *A. longiglumis* e *A. insularis*, com diminuições de 30,34%, 11,41% e 15,35% nos genomas AA, CC e DD, respectivamente. Isso resultou em uma diminuição na frequência de microssatélites dentro dos genomas, com uma média de um microssatélite a cada 19.825 pares de bases para o genoma AA, 21.310 para o genoma CC e 20.053 para o genoma DD.

Quanto às associações de microssatélites dentro de genes, observou-se uma perda de 15,53%, 19,83% e 1,59% nos genomas AA, CC e DD, respectivamente. A análise funcional desses genes demonstrou perda média de 13,95% em *A. sativa* em comparação com as espécies ancestrais.

Na última análise realizada, foi observada perda de funções nos genomas de *A. sativa*, embora em algumas funções, tenha havido um aumento no número de genes associados ou exclusivos dessa espécie. A redução foi mais pronunciada nos genomas AA e CC, com quedas de 17,25%, 17,65% e 19,4% para processos biológicos, componentes celulares e funções moleculares, respectivamente. No entanto, o genoma DD apresentou uma diminuição significativamente menor, com reduções de apenas 3%, 0,95% e 3,34%, respectivamente.

Esses resultados sugerem que a domesticação da aveia branca pode ter levado a uma diminuição na quantidade de microssatélites devido ao ambiente favorável ao desenvolvimento como também pelo processo de seleção ao decorrer dos anos, por conta dos múltiplos cruzamentos feitos pelos melhoristas obtendo uma gama maior de recombinações. No entanto, é importante destacar que o genoma DD apresentou menor perda desses marcadores, indicando um potencial capacidade de retenção de genes nesse genoma, o que pode ser objeto de estudo futuro.

4 CONCLUSÕES

Houve então uma redução na quantidade de microssatélites presentes nos genomas da *Avena sativa* comparada com suas ancestrais ao longo de sua domesticação, conforme os dados obtidos a maior redução se deu nos monômeros, dímeros e trímeros.

A presença de SSRs difere nos subgenomas da aveia. A maior redução de microssatélites foi observada no genoma AA, chegando à 30,34%.

A distribuição destes SSRs, nos diferentes tipos de genes quanto à sua função é diferente. O genoma DD sofreu redução geral de 15,35% dos SSRs no genoma, porém sofreu menor alteração na presença de SSRs dentro de genes, de 1,59%.

A presença destes nos genomas ancestrais comparada com a presença no genoma da aveia hexaploide cultivada indica que a seleção nos três genomas da aveia não foi uniforme, havendo maiores reduções de SSRs dentro de genes nos genomas AA e CC.

Referências

- ALLARD, R.W. **Principles of plant breeding**. 3rd (Ed). New York: J. Wiley, 1960. 485p
- ANDERSON, J. W. Physiological and metabolic effects of dietary fiber. **Federation Proceedings**, Washington, v.44, n.14, p.2902-2906, 1985.
- ANDERSON, J. W.; CHEN, W. L. Cholesterol-lowering properties of oat products. In WEBSTER, F.H. (Ed.). **Oats, chemistry and technology**. St Paul: American Association of Cereal Chemists, p.309-333, 1986.
- ANVISA – Agência Nacional de Vigilância Sanitária. **Alimentos com alegações de propriedades funcionais e ou de saúde, novos alimentos/ingredientes, substâncias bioativas e probióticos**. Disponível em: <<http://www.anvisa.gov.br/alimentos/comissoes/tecno2.htm> >. Acesso em: 01 de novembro de 2022.
- AYAD, W. G.; HODGKIN, T.; JARADAT, A.; RAO, V. R. (Ed.). **Molecular genetic techniques for plant genetic resources**. Rome: International Plant Genetic Resources Institute, 1997. 137 p.
- BADAYEVA, E. D.; LOSKUTOV, I. G.; SHELUKHINA, O. Y. U., *et al.* (2005). Cytogenetic analysis of diploid Avena L. species containing the as genome. **Russ J Genet**, 41, 1428-1433.
- BAE, I. Y.; LEE, S.; KIM, S. M.; LEE, H. G. Effect of partially hydrolyzed oat b-glucan on the weight gain and lipid profile of mice. **Food Hydrocolloids**, v.23, p.2016–2021, 2009.
- BARBIERI, R. L., Aveia. In BARBIERI, R. L.; STUMPF, E.R.T. (Ed.) **Origem e evolução de plantas cultivadas**. Brasília: EMBRAPA Informação Tecnológica, 211p, 2008.
- BARBOSA NETO, J. F., *et al.* Progresso genético no melhoramento da aveia-branca no Sul do Brasil. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.35, n.8, p.1605-1612, 2000.

BATALOVA, G. A.; KROTOVA, N. V. (2012). Breeding oats for fodder productivity. **Russian Agricultural Sciences**, v. 38, n. 3, p. 186-189. DOI: 10.3103/S1068367412030044.

BEBER, R. C.; DE FRANCISCO, A.; ALVES, A. C.; SÁ, R. M.; OGLIARI, P. Caracterização química de genótipos brasileiros de aveia (*Avena sativa* L.). **Acta Científica Venezuelana**, Caracas, v.53, n.3, p.202-209, 2002.

BENIN, G.; *et al.* Adaptabilidade e estabilidade em aveia em ambientes estratificados. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.35, p.295-302, 2005.

BIOBAM. **OMICSBOX**. Disponível em: < <https://www.biobam.com/omicsbox/?cn-reloaded=1>>. Acesso em: 07 de fevereiro de 2024.

BONNETT, O. T. **The oat plant: Its histology and development**. Illinois Agric. Station, 1961. 112p.

BOTHONA, C. R. A.; *et al.* Critérios para avaliação da morfologia do grão de aveia para o melhoramento genético da qualidade física. **Revista Ciência Rural**, vol.29, n.4, p. 613-618, 1999.

BOTHONA, C. A.; MILACH S. K. **Relação entre qualidade física do grão em aveia e indicadores de rendimento industrial**. In: REUNIÃO DA COMISSÃO BRASILEIRA DE PESQUISA DE AVEIA, 18, 1998, Londrina. Resultados experimentais...Londrina: IAPAR, 1998. p. 47-48.

BRATT, K., SUNNERHEIM, K., BRYNGELSSON, S., FAGERLUND, A., ENGMAN, L., ANDERSSON, R. E., *et al.* Avenanthramides in oats (*Avena sativa* L.) and structure-antioxidant activity relationships. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, 51, 594-600. 2003.

BRASIL. Ministério da Agricultura. **Legislação aplicada à agricultura classificação de produtos vegetais**. Portaria Ministerial n. 191 de 14 de abril de 1975.

BUTT, M. S.; TAHIR-NADEEM, M.; KHAN, M. K. I.; SHABIR, R.; BUTT, M. S. A. Oat: unique among the cereals. **European Journal of Nutrition**, v.47. n.2, p.68-79, 2008.

CARVALHO, F. I. F.; BARBOSA, J. F.; FLOSS, E. L.; FERREIRA-FILHO, A. W.; FRANCO, F. A.; FEDERIZZI, L. C.; NODARI, R. O. Potencial genético da aveia como

produtora de grãos no Sul do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.22, n.1, p.71-82, 1987.

CBPA - COMISSÃO BRASILEIRA DE PESQUISA DE AVEIA. **Indicações técnicas para cultura da aveia**: XXXIV Reunião da Comissão Brasileira de Pesquisa de Aveia: Fundação ABC, 136 p., 2014.

CBPA - COMISSÃO BRASILEIRA DE PESQUISA DE AVEIA. **Informações técnicas para a cultura da aveia**: XL Reunião da Comissão Brasileira de Pesquisa de Aveia: SETREM, 190 p., 2021.

CHEN C. Y. O.; MILBURY P. E.; COLLINS F. W.; et al. Avenanthramides are bioavailable and have antioxidant activity in humans after acute consumption of an enriched mixture from oats. **The Journal of Nutrition**. 2007; 137(6): 1357-1382. DOI: 10.1093/jn/137.6.1375.

CHEN, J.; SUN, M.; LEE, S.; ZHOU, G., ROWLEY, J. D.; WANG, S.M. **Identifying novel transcripts and novel genes in the human genome by using novel SAGE tags**. **Proc Natl Acad Sci USA**. Sep 17; 99 (19): 12257-62, 2002.

CHEN, H., et al. A High-Density SNP Genotyping Array for Rice Biology and Molecular Breeding. **Molecular Plant**, v. 7, p. 541-553, 2014.

COFFMAN, F. A. **Oat history, identification and classification**. Washington: United States Department Agriculture, 364p., 1977.

COLLINS, F. W. Oat phenolics: Structure, occurrence and function. In: Webster, F. H. (Ed.). Oats: **Chemistry and Technology**. St. Paul: American Association of Cereal Chemists; 1986. p. 227-95.

COLLINS, F. W. Oat phenolics: Avenanthramides, novel substituted N-cinnamoylanthranilate alkaloids from oat groats and hulls. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, 37, 60-66. 1989.

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento – **Aveia**. Disponível em: < <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/serie-historica-das-safras/item/7686-aveia>>. Acesso em: 05 de fevereiro de 2024.

CRESTANI, M.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; SILVA, J. A. G.; GUTKOSKI, L. C.; SARTORI, J. F.; BARBIERI, R. L.; BARETTA, D. Conteúdo de β -glucana em cultivares de aveia-branca cultivadas em diferentes ambientes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n.3, p.261-268, 2010.

CRESTANI, M. **Dinâmica de caracteres componentes da produção e da qualidade química e industrial de grãos em aveia branca: interação genótipo vs. ambiente e capacidade combinatória**. Tese (Doutorado - Programa de Pós-Graduação em Agronomia). Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2011.

CRUZ, V. M. V.; KILLIAN, A.; DIERIG, D. A. Development of DArT Marker Platforms and Genetics Diversity Assessment of the U.S. Collection of the New Oislsed Crop Lesquerella and Related Species. **PLOS ONE**, V. 8, Issue 5, e64062, May, 2013.

CUMMINGS, J. H.; STEPHEN, A. M. Carbohydrate terminology and classification. **European Journal of Clinical Nutrition**, v. 61, n. 1, p. S5–S18, 2007.

DU, L.; ZHANG, C.; LIU, Q.; ZHANG, X.; YUE, B. Krait: an ultrafast tool for genome-wide survey of microsatellites and primer design. **Bioinformatics**, v. 34, n. 4, p. 681-683, 2018. DOI: 10.1093/bioinformatics/btx665.

FALEIRO, F. G. **Marcadores genético-moleculares aplicados a programas de conservação e uso de recursos genéticos** / Fábio Gelape Faleiro. – Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2007. 102 p

FEDERIZZI, L. C.; CARVALHO, F. I. F.; BARBOSA NETO, J. F. **Programas de melhoramento genético de aveia no Sul do Brasil: possibilidades e perspectivas**. In: REUNIÃO DA COMISSÃO BRASILEIRA DE PESQUISA DE AVEIA, 11., 1991, Passo Fundo. Resultados experimentais... Passo Fund/ UPF 1991. p. 3-11.

FEDERIZZI, L. C. et al. In: BORÉM, A (Ed.) **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, p. 131-157,1999.

FEDERIZZI, L. C.; et al. **Melhoramento da aveia**. In: BORÉM, A. (Ed.). Melhoramento de espécies cultivadas. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, p. 141-169, 2005.

FEDERIZZI, L. C.; PACHECO, M. P. **Programa de melhoramento genético de aveia da UFRGS: 35 anos de história.** In: Reunião da Comissão Brasileira de Pesquisa de Aveia, 2009, Porto Alegre. Anais... Porto Alegre: UFRGS, p.202-205., 2009.

FEDERIZZI, L. C.; ALMEIDA, L. de.; MORI, C. de.; LÂNGARO, N. C.; PACHECO, M. T. Importância da cultura da aveia. In: **Indicações técnicas para a cultura da aveia.** Passo Fundo: Ed. Universidade de Passo Fundo, p. 44-53, 2014.

FLOSS, E. L. **Pesquisa de aveia do acadêmico ao desenvolvimento.** In: REUNIÃO DA COMISSÃO BRASILEIRA DE AVEIA, 22, 2002, Passo Fundo. Resultados Experimentais... Passo Fundo: UPF, p. 27-38. 2002.

FOMINAYA, A.; LOARCE, Y.; GONZÁLEZ, J. M.; FERRER, E. Cytogenetic evidence supports *Avena insularis* being closely related to hexaploid oats. **PLoS One**, v. 16, n. 10, p. e0257100, out. 2021. DOI: 10.1371/journal.pone.0257100. PMID: 34653181. PMCID: PMC8519437.

GNUTIKOV, A. A.; *et al.* New Insights into the Genomic Structure of *Avena L.*: Comparison of the Divergence of A-Genome and One C-Genome Oat Species. **Plants (Basel)**, v. 11, n. 9, p. 1103, Apr. 2022. DOI: 10.3390/plants11091103. PMID: 35567104. PMCID: PMC9102028.

GUTKOSKI, L. C.; EL-DASH, A. A. Efeito do cozimento por extrusão na estabilidade oxidativa de produtos de moagem de aveia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 1, p. 119-127, 1999.

GUTKOSKI, L. C.; TROMBETTA, C. Avaliação dos teores de fibra alimentar e de β glicanas em cultivares de aveia (*Avena sativa L.*). **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, Campinas, v.19, n. 3, 1999.

GUTKOSKI, L. C.; PEDÓ, I. **Aveia: composição química, valor nutricional e processamento.** São Paulo: Livraria Varela, 2000. 191p.

HARLAN, J. R. **Crops and Man.** 2 nd ed. Madison, American Soc. of Agronomy. P.284, 1992.

HARTWIG, I., et al. Variabilidade fenotípica de caracteres adaptativos da aveia branca (*Avena sativa* L.) em cruzamentos dialélicos. **Ciencia Rural**, Santa Maria, v.37, n.2, p.337- 345, 2007.

HUMPHREYS, D. G.; SMITH, D. L.; MATHER, D. E. Nitrogen fertilizer and seeding date induced changes in protein, oil and β -glucan contents of four oat cultivars. **Journal of Cereal Science**, London, v.20, p.283-290, 1994.

JELLEN, E. N. and BEARD, J. Geographical Distribution of a Chromosome 7C and 17 Intergenomic Translocation in Cultivated Oat. In: **Crop Science** 40.1, pp. 256–263. DOI: 10.2135/cropsci2000.401256x.

KAMAL, N. Tsardakas Renhuldt, N., Bentzer, J. *et al.* The mosaic oat genome gives insights into a uniquely healthy cereal crop. **Nature**, 606, 113–119 (2022). <https://doi.org/10.1038/s41586-022-04732-y>.

KIHARA, H. On cytological studies in some cereal species. Communication II. Chromosome numbers and relationships among *Avena* species. In: **Shokubutsugaku Zasshi** 33.388, en94–en97. DOI: 10.15281/jplantres1887.33.388_94.

LÀSZTITY, R. Oat grain – A wonderful reservoir of natural nutrients and biologically active substances. **Food Review International**, v. 14, n.1, p. 99-119, 1998.

LI, Y.C.; KOROL, A.B.; FAHIMA, T.; BEILES, A.; NEVO, E. Microsatellites: genomic distribution, putative functions and mutational mechanisms: a review. **Molecular Ecology**, v.11, p.2453-2465. 2002.

LITT, M. AND LUTY, J.A. (1989) A Hypervariable Microsatellite Revealed by in Vitro Amplification of a Dinucleotide Repeat within the Cardiac Muscle Actin Gene. **American Journal of Human Genetics**, 44, 397-401.

LOCKHART, H. B.; HURT, H. D. Nutrition of oats. In: WEBSTER, F.H. **Oats: chemistry and technology**. Saint Paul: American Association of Cereal Chemists, 1986. p. 297-306.

LOSKUTOV, I.G. **Vavilov and his institute: a history of the world collection of plant genetic resources in Russia**. 188 p. ISBN: 978-92-9043-412-2.

LOSKUTOV I. G.; ABRAMOVA L. I. (Morphological and karyological inventarization of species *Avena* L. genus. **Tsitologiya (Cytology)** 41:1069–1070 (Russian).

LOSKUTOV I. G.; PERCHUK I. N. **Evaluation of interspecific diversity in *Avena* genus by RAPD analysis.** Oat Newsletter 46. (<http://wheat.pw.usda.gov/ggpages/oatnewsletter/v46/>).

LOSKUTOV I. G. **Vidovoe raznoobrazie i selektsionnyi potentsial roda *Avena* L.** (Species diversity and breeding potential of genus *Avena* L.) Thesis of doctoral dissertation, VIR, St Petersburg (Russian).

LUX, T. **Structural annotation, pseudomolecules, and analyses of *Avena sativa* (cv. Sang), *Avena insularis* (BYU209) and *Avena longiglumis* (CN58138).** Disponível em: < <https://doi.ipk-gatersleben.de/DOI/43ec5a99-d7b6-4a28-b9d8-4a6ec81a60fd/bc36ea85-b944-4bc3-a52f-f78596335ea5/2>>. Acesso em: 08 de fevereiro de 2024.

MAIA, L. C., PALMIERI, D. A., DE SOUZA, V. Q., KOPP, M. M., DE CARVALHO, F. I., OLIVEIRA, A. C. SSR Locator: Tool for Simple Sequence Repeat Discovery Integrated with Primer Design and PCR Simulation. *Int J Plant Genomics*, 2008, 412696. DOI: 10.1155/2008/412696. PMID: 18670612. PMCID: PMC2486402.

MANTHEY, F. A.; HARELAND, G. A.; HUSEBY, D. J. Soluble and insoluble dietary fiber content and composition in oat. **Cereal Chemistry**, St. Paul, v.76, n.3, p.417–420, 1999.

MORGANTE, M.; HANAFEY, M.; POWELL, W. Microsatellites are preferentially associated with nonrepetitive DNA in plant genomes. **Nature Genetics**, v.30, p.194–200, 2002.

KAMAL N.; *et al.* The mosaic oat genome gives insights into a uniquely healthy cereal crop. **Nature**. 2022 Jun;606(7912):113-119. doi: 10.1038/s41586-022-04732-y. Epub 2022 May 18. PMID: 35585233; PMCID: PMC9159951.

OLIVEIRA, E.J.; PÁDUA, J.G.; ZUCCHI, M.I.; VENCOVSY, R.; VIEIRA, M.L.C. Origin, evolution and genome distribution of microsatellites. **Genetics and Molecular Biology**, v.29, p.294-307. 2006.

PENG, P.; YAN, Z.; ZHU, Y.; et al. Regulation of the Arabidopsis GSK3-like Kinase BRASSINOSTEROID-INSENSITIVE 2 through Proteasome-Mediated Protein Degradation. In: **Molecular Plant** 1.2, pp. 338–346. DOI: 10.1093/mp/ssn001.

PERL. **Perl strawberry**. Disponível em: <<https://www.perl.org>>. Acesso em: 04 de fevereiro de 2024.

PETERSON, M. P. Composition and Nutritional Characteristics Oat Grain and Product. In: MARSHALL, H.g.; SOLLELLS, M. S. (Ed.) **Oat science and tecnologia**. Madison: American Society of Agronomy, 1992, p.266-287.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. **R Foundation for Statistical Computing**, Vienna, Austria, 2020. Disponível em: <<https://www.R-project.org/>>. Acesso em: 07 de fevereiro de 2024.

RODIONOV A. V.; TYUPA N. B; KIM E. S.; MACHS E. M.; LOSKUTOV I. G. (2005) **Genomic structure of the autotetraploid oat species Avena macrostachya inferred from comparative analysis of the ITS1 and ITS2 sequences: on the oat karyotype evolution during the early stages of the Avena species divergence**. Russ J Genet 41:1–11

ROSE, O.; FALUSH, D. A threshold size for microsatellite expansion. **Molecular Biology and Evolution**, v.15, p.613-615. 1998.

SÁ, R. M.; DE FRANCISCO, A.; OGLIARI, P. J.; BERTOLDI, F. C. Variação no conteúdo de beta-glucanas em cultivares brasileiros de aveia. **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, Campinas, v.20, n.1, p.99-102, 2000.

SILVA, L. P.; CIOCCA, M. L. S. Total, insoluble and soluble dietary fiber values measured by enzymatic-gravimetric method in cereal grains. **Journal of Food, Composition and Analysis**, v.18, p.113-120, 2005.

SHANDS, H. L.; CISAR, G.L. Avena. In: HALEVY, A. H. **CRC handbook of flowering**. Boca Raton: CRC Press, p. 523-535, 1988.

TAVARES, M. J. C. M. S.; ZANETINI, M. H. B.; CARVALHO, F. I. F. Origem e evolução do gênero Avena: suas implicações no melhoramento genético. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.28, n.4, p.499-507, 1993.

TEMNYKH, S.; DECLERCK, G.; LUKASHOVA, A.; LIPOVICH, L.; CARTINHO, S.; MCCOUCH, S. Computational and experimental analysis of microsatellites in rice (*Oryza sativa* L.): frequency, length variation, transposon associations, and genetic marker potential. **Genome Research**, v. 11, n. 8, p. 1441-1452, ago. 2001. DOI: 10.1101/gr.184001.

THOMAS, H. Oats. In: SMARTT, J.; SIMMONS, N. W. **Evolution of crop plants**. London: Longman, 132-136p, 1995.

USDA - United States Department of Agriculture. **Nutrient Database for Standard Reference – Oats**, 2010. Disponível em: <<http://www.usdabrazil.org.br>> Acesso em: 22 de outubro de 2022.

VARSHNEY, R.K.; GRANER, A.; SORRELLS, M.E. Genic microsatellite markers in plants: features and applications. **Trends in Biotechnology**, v. 23, n. 1, p. 48-55, jan. 2005. DOI: 10.1016/j.tibtech.2004.11.005.

VIEIRA, E. L. **Determinação de Gluten em cultivares brasileiros de aveia e produtos derivados**. Dissertação (Mestrado em Ciência dos Alimentos), Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 2001. 85f.

WALKER, A. R. P. Does the dietary fiber hypothesis really "work"? **Cereal Foods World**, v. 38, n. 3, p.128-134, 1993.

WELCH, R. W. The chemical composition of oats. In: WELCH, R. W. (ed.). **The oat crop**. London: Chapman e Hall, p. 279-320, 1995.

WISE, M. L. Effect of chemical systemic acquired resistance elicitors on avenanthramide biosynthesis in oat (*Avena sativa*). **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, 59, 7028-7038. 2011.

WOOD, P. J. Cereal B-glucans in diet and health. **Journal of Cereal Science**, London, v. 46, p. 230–238, 2007.

WOOD, P. J. Physicochemical characteristics and physiological properties of oat (1-3), (1-4)- β -D-Glucan. In: WOOD, P. J. (ed). **Oat Bran**. St. Paul, Minnesota, USA: **American Association of Cereal Chemists**, 1993, p.83-112.

WOOD, P.; WEISZ, J.; FEDEC, P. Potencial for β -glucan enrichment in brans derived from oat (*Avena Sativa* L.) cultivars of different (1-3), (1-4)- β -D-glucan concentrations. **Cereal Chemistry**, St. Paul, v.68, n.1, p.48-51, 1991.

ZHOU, M.; ROBARDS, K.; GLENNIE-HOLMES, M.; HELLIWELL, S. Structure and pasting properties of oat starch. **Cereal Chemistry**, St. Paul, v.75, n.3, p.273-281, 1998.

ZHU, Y.; STRASSMANN, J.E.; QUELLER, D.C. Insertions, substitutions, and the origin of microsatellites. **Genetics Research**, v.76, p.227-236. 2000.

Anexos

Figura complementar 1 – Exemplo de parte da sequência do genoma da *Avena sativa* conforme obtido pelo banco de dados. CGF - UFPeI, 2024.

```
>>chr1A+
TCATTGGTGCAGAGATAAGTGTAGCATTTGGAGAACATCAATATAGCAAAGCCGAAATGAATACATAGCAAAACATAAAATGAGTATGTAGCAAAATTAACCCCTCGCTTTGCCCAAGGTAGCAATATCATGCACTCATACTAGCAACAT
GTTTCAGCAGGCGTCTTATTTCATTCATGCTCTCGGGACTCGCACTTTTCAGCTGATGAAGCGTATCTCGCTTACATTAAGGGCACCTCTCACTATGGACTGAAAAATACACAAGTCTTCTTCTATGGATCTGATTGTATACCTGTTGTC
GGGCCGTGGTAGCTTTGCATATAGCCCCGTTTTTACCTTACGCTCAACCCGCGCTCTCGAGACCCACCTGTCTGCTCCCTGTCTTTTGAACGAGCACCCCGTGAACCTTAGCCTCAACCCGCTGCTCCGCTACCCCCCTCT
TCTGAATCCCCCAGTATTAAAGTTGAAGCAAAAAACAACCTGGTTAAGCAAGTGTGTAAGGTAAACAGTCCACATGTTCCATGAACAAGAGACCGTTGTTTTCTCCCTAGTAGCAACAGCACATCTACAAGCGAAGAGATTATTGT
↓
>chr2A+
CCTCTACGCGTTTTGAATCCGCTCTCTCTCTCTGCGAGTCCAGGATTCTCGTGGTTGGGTTCCGTCGTACCTTCAGGGTTTCGCTCTCTCTGATAACGGTGTCTACCATCCGGTGTCAAGTGCCTGATGAATCCGTTCTA
TTGCAGAAAGTAAACAGGAATAGTGAAGATGTATCAATGGTAAAGATTGGACGGGGTCCACAGTTCCTAGAGGTGTTCTCTCTAGATAAACAAACATGGCATGCTGGGTAAACAAATATAGTAGGGCAATTGATAGGACTGAGCA
TTCTTGGAAAGCCGGCAGAGGGTGTAGACACGACCTTTACCTTGTCTTCCGCGAGACCATGAGTCACGCAATAAGTATGGTTCCGCCATAACGGGTCAAATCCCAGGCCGCTACTTAAAGATGTGAGGCGAGGTTGGTTTACTAG
GAATTTTATATCAAAACATGCCACACAAGTTTTCGCAAAAACATCAATTTAACAGATGCAATTTACTAAACAAATACATGGTTGGATAGGTTTGTCTTGTGAATCCATTGATATAAAATTTGAAAAATTTGGACATGTGGATC
↓
>chr3A+
ATAGATAATCAAAAACGAGGGTTTGTGATTAGTTGATATGGATATCATATTTGGATTCTCTCTCTCTGATCAATTTAGACATATATTGTTAAATCCGATTATAGATTAAAGATATTAATTTCCATATTAATAGAA
CCAAAGGTGGCAATCAAGCATTTTCATAAATCTTTAGGCATATAAGAGACACTAGAACCAGGTTCACATGAAGCTTTGAGATCAAGTCATTCACTTGATATTAATGATGGTTCTCAACTATCTTCTATGTGGCATCCCGCAAAA
CCATAACCGCGGACAGGCTTCTCGAAAAGATTAAACCTCGAGGGGTGCACAAAGTATCCACAGTCACCTCGACCTTTTGGCAGATCAGTTAACATACACCATCGGTATGTGCGTGGGGCTAAGTCACGACGTTCCCAACCC
GGGAGAGGAAGGTTCTTATCGAGTACCGAACGTGTGACCGACTACGGAAGCGCTGCGGGAACGACGCCGGAAGGATGCTGACGCGATCTTGAGATCGGCAAGGTGACGATACATCACCATCGAGATCTGCTTTCTATTAAACCGCT
↓
>chr4A+
TCTACGCCGCGGAACAACAGGTTCTCGAGGTGAACGACAAGATCTGCAACACGGACGCGGAGAAACCTCGGACGCCAAGGTCTGCGGCACGGATACGACAGGAACCTCCCTCGGACGCCAAGGTCTAACCTCGGACCCAAAGAC
CAGCAAGCATGCGATGATCCAAGAGAAGGCCACAGATGGAGATTTCAGAACTTTGAGGCCACCATATGAAGAAGAAGGCTTGGACTAAATAATTCAAGATTAACTACTCACGAATTCGTCATAGCTTAAATGTTCTGCGACACC
TAAGGATTAGGATCACTTCGTAAGTTGTTATAGCAATATAAACTCAATGACTTTGATCATAATGCTATACCTTCGGATGAATGTTTCATCACACATTACACTAATGTTGTGATCCCGTTATTAACAACATCCAATGTCATGATCAGGAA
GATGAGCAGGTGAGGGCAAGGCAGGAGCTCGTCTCACCGCCGCGCTGCTCTGAGCTCGTCAGCGAAGAGCAGCTCGTCGATGCTCCGGTCTGAGCATCCCCCTGTGACCTTCTCGGCGAGGCTCCGGCAGGCTTGACATATGT
↓
```

Figura complementar 2– Exemplo de parte da sequência do cromossomo 1AA da *Avena sativa* após a separação do genoma completo. CGF - UFPeI, 2024.

```
↳chr1A+
TCATTGGTGCAGAGATAAGTGTAGCATTTGGAGAACATCAATATAGCAAAGCCGAAATGAATACATAGCAAAACATAAAATGAGTATGTAGCAAAATTAACCCCTCGCTTTGCCCAAGGTAGCAATATCATGCACTCATACTAGCAACATCG
GTTTCAGCAGGCGTCTTATTTCATTCATGCTCTCGGGACTCGCACTTTTCAGCTGATGAAGCGTATCTCGCTTACATTAAGGGCACCTCTCACTATGGACTGAAAAATACACAAGTCTTCTTCTATGGATCTGATTGTATACCTGTTGTC
GGGCCGTGGTAGCTTTGCATATAGCCCCGTTTTTACCTTACGCTCAACCCGCGCTCTCGAGACCCACCTGTCTGCTCCCTGTCTTTTGAACGAGCACCCCGTGAACCTTAGCCTCAACCCGCTGCTCCGCTACCCCCCTCTCT
TCTGAATCCCCCAGTATTAAAGTTGAAGCAAAAAACAACCTGGTTAAGCAAGTGTGTAAGGTAAACAGTCCACATGTTCCATGAACAAGAGACCGTTGTTTTCTCCCTAGTAGCAACAGCACATCTACAAGCGAAGAGATTATTGTCA
←
```

Figura complementar 3: Gráfico dos processos biológicos genoma AA *Avena longiglumis*.

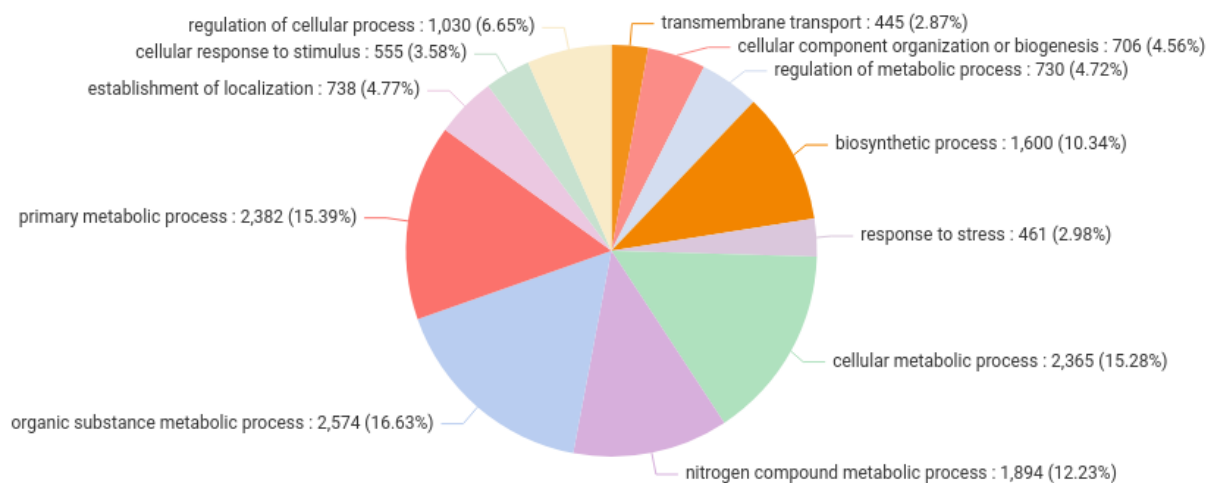


Figura complementar 4: Gráfico dos processos biológicos genoma CC *Avena insularis*.

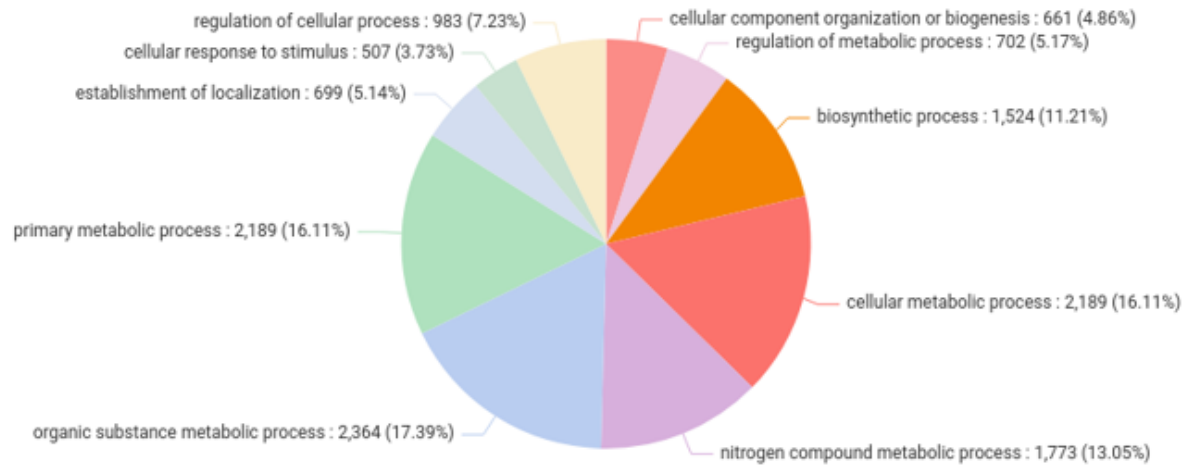


Figura complementar 5: Gráfico dos processos biológicos genoma DD *Avena insularis*.

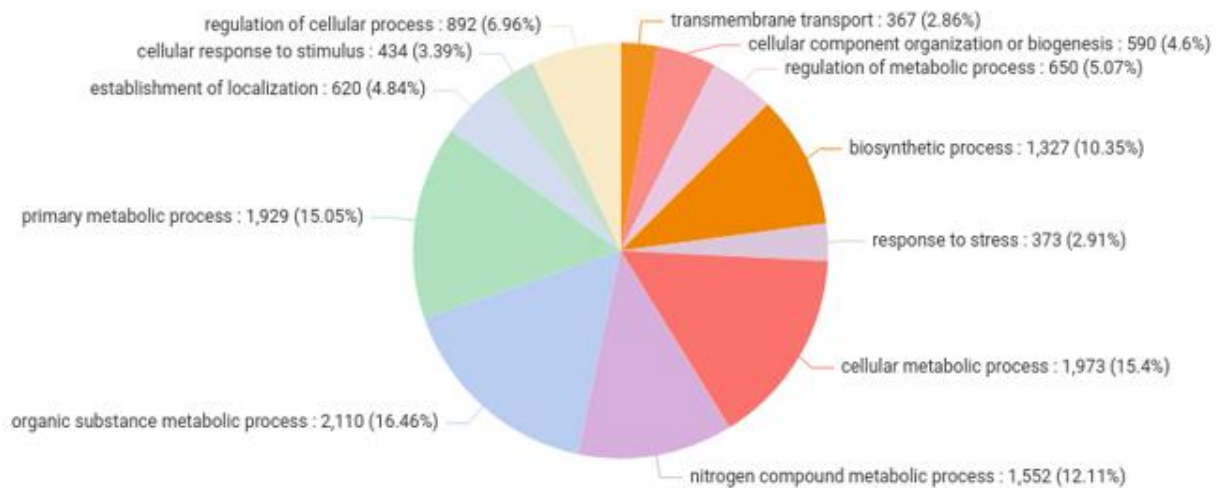


Figura complementar 6: Gráfico dos processos biológicos genoma AA *Avena sativa*.

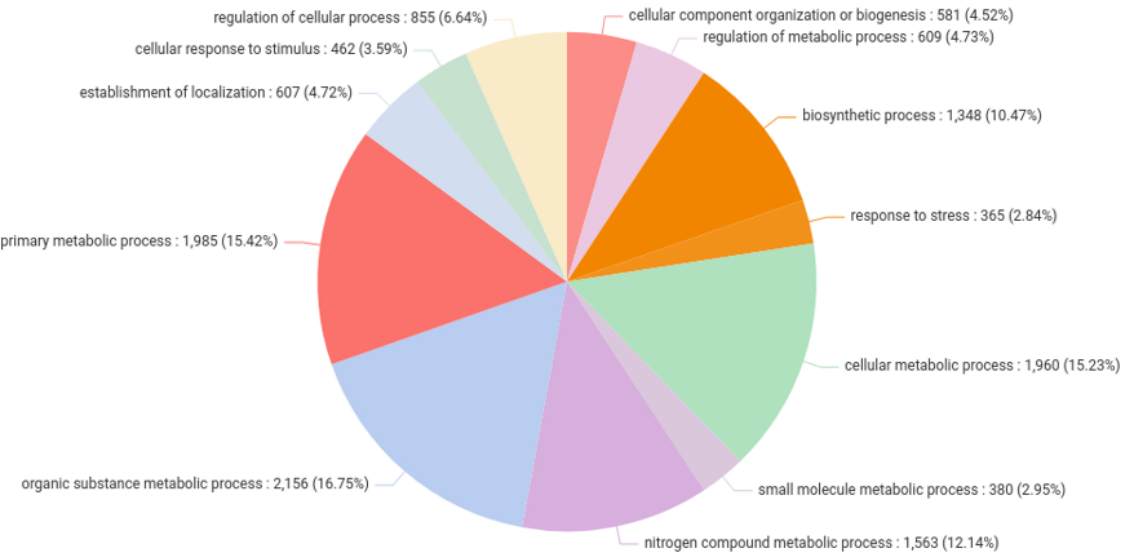


Figura complementar 7: Gráfico dos processos biológicos genoma CC *Avena sativa*.

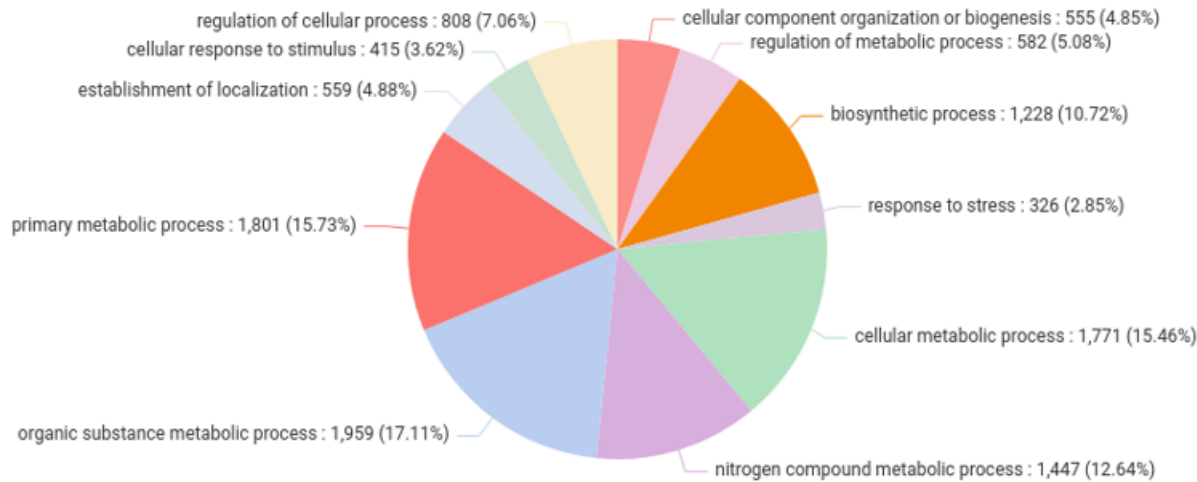


Figura complementar 8: Gráfico dos processos biológicos genoma DD *Avena sativa*.

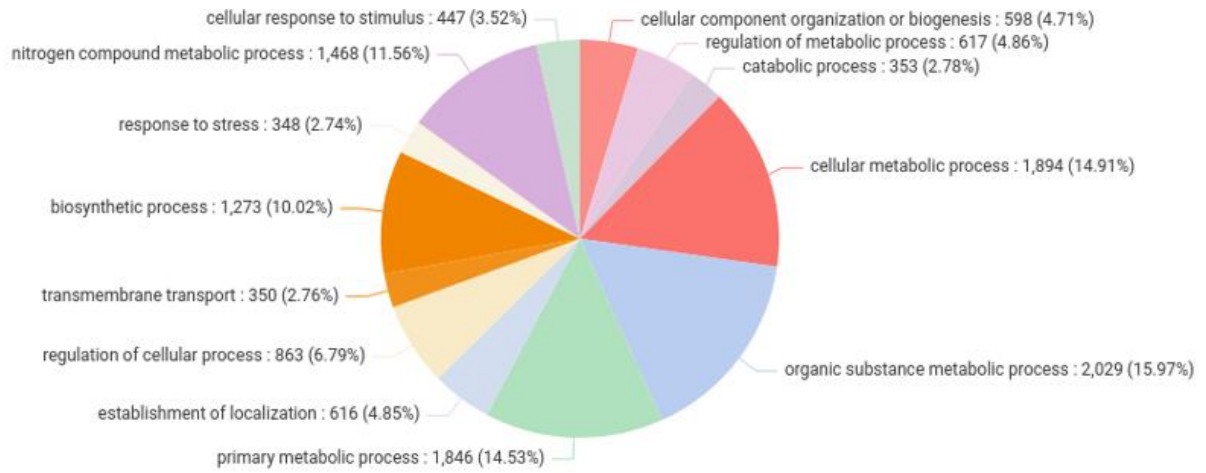


Figura complementar 9: Gráfico dos componentes celulares do genoma AA *Avena longiglumis*.

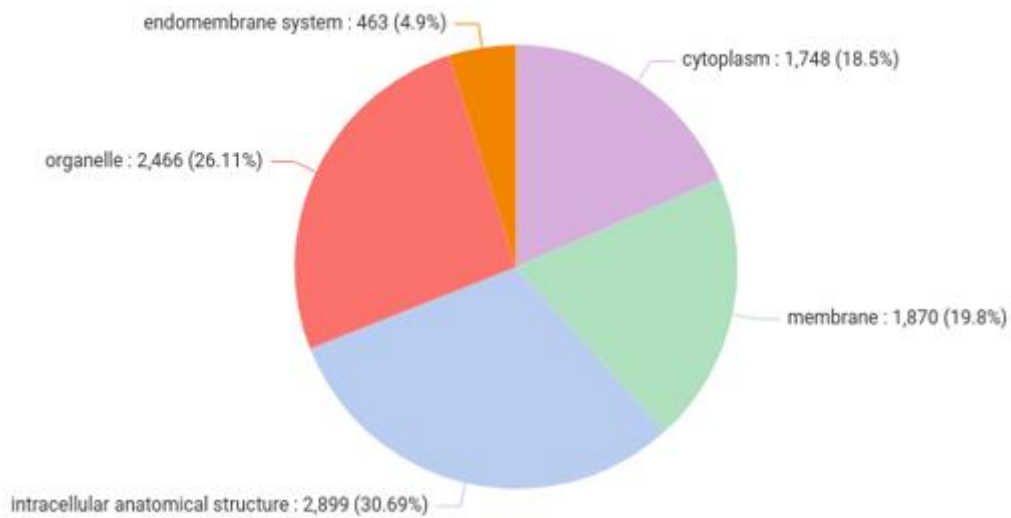


Figura complementar 10: Gráfico dos componentes celulares do genoma CC *Avena insularis*.

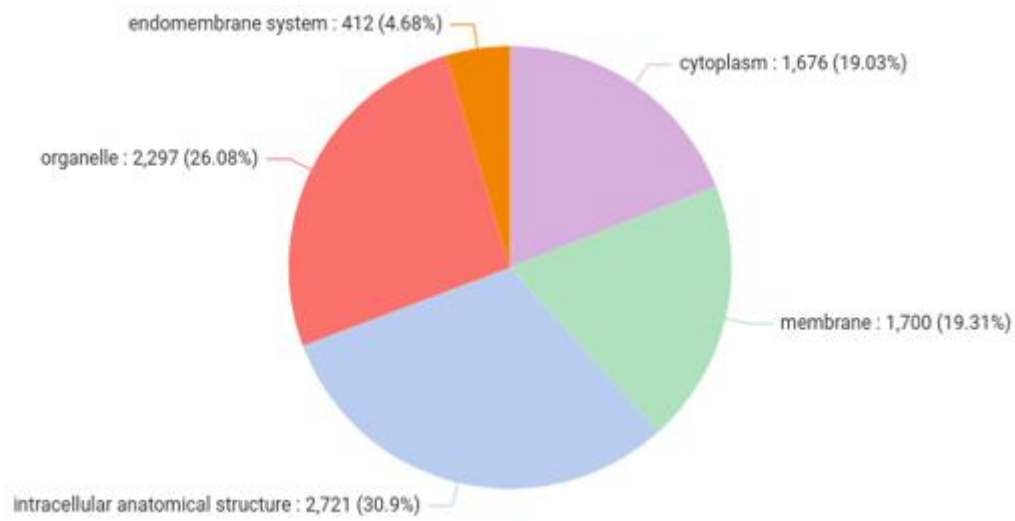


Figura complementar 11: Gráfico dos componentes celulares do genoma DD *Avena insularis*.

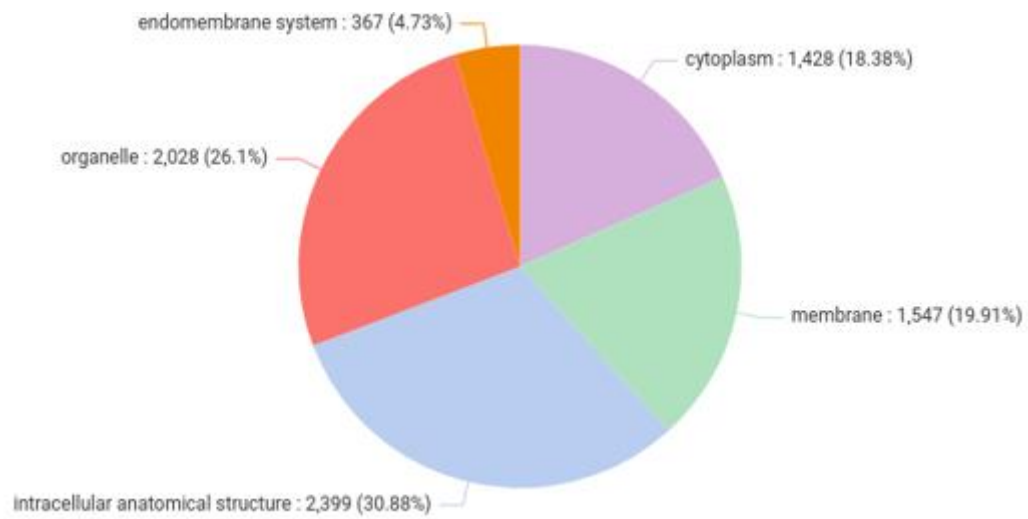


Figura complementar 12: Gráfico dos componentes celulares do genoma AA *Avena sativa*.

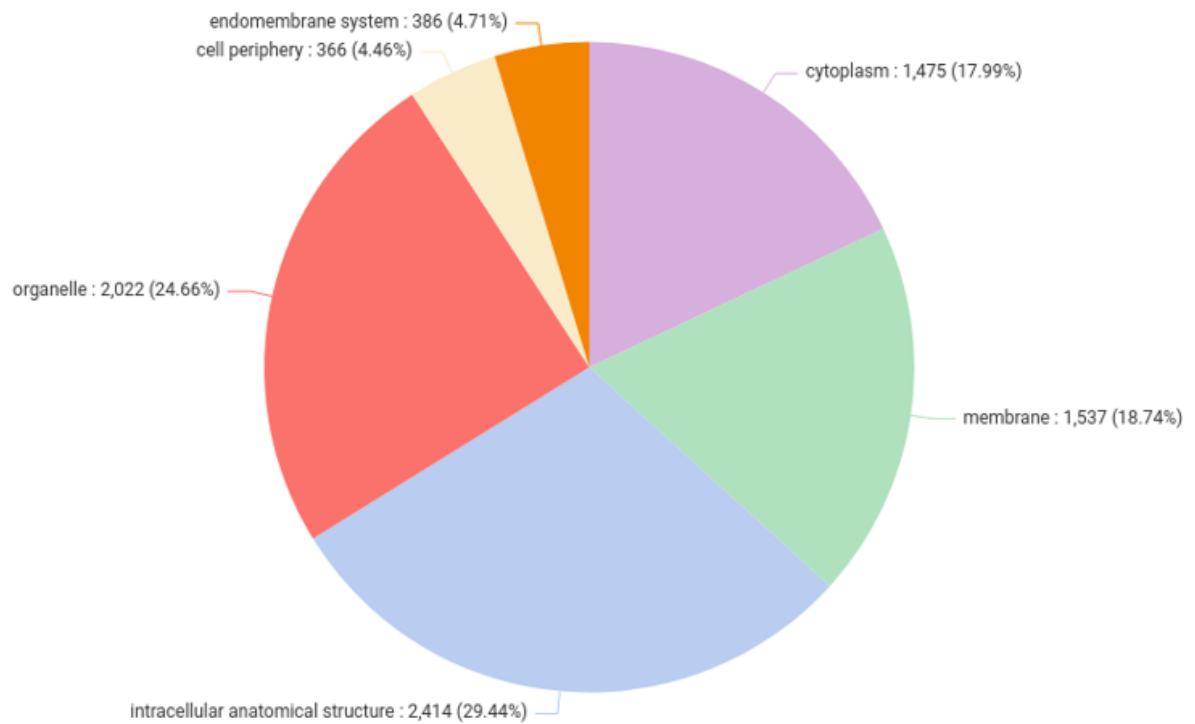


Figura complementar 13: Gráfico dos componentes celulares do genoma CC *Avena sativa*.

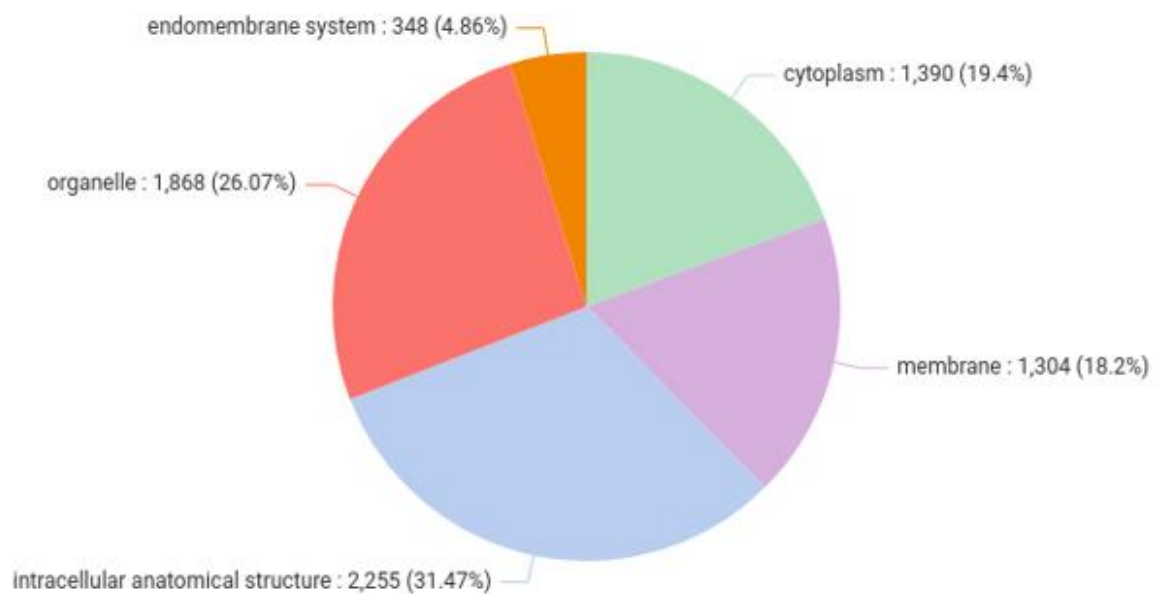


Figura complementar 14: Gráfico dos componentes celulares do genoma DD *Avena sativa*.

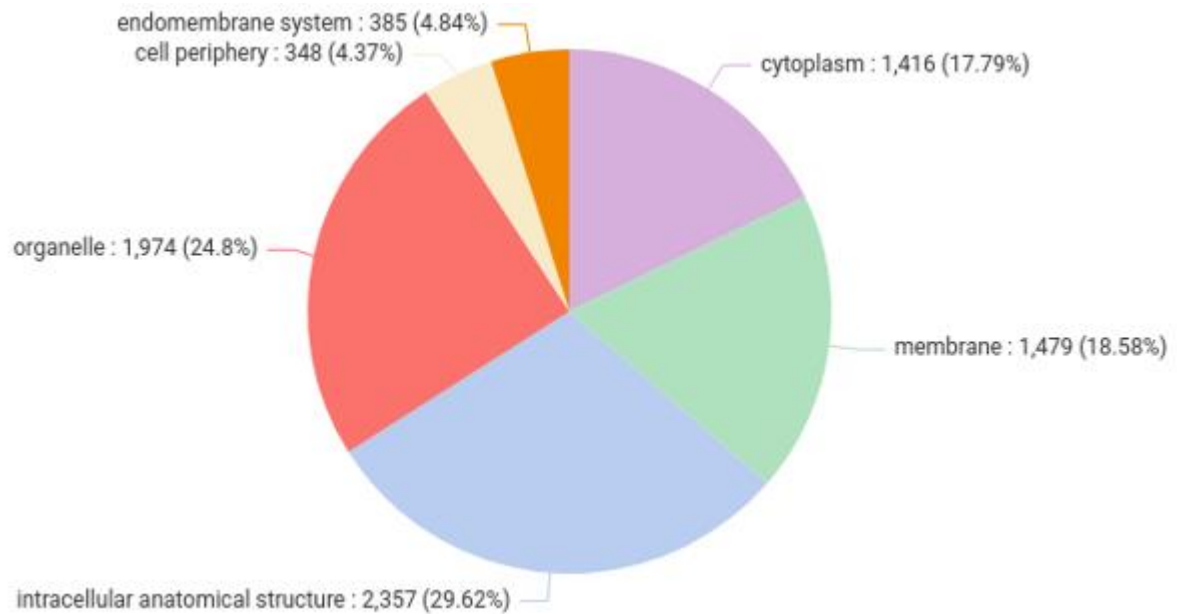


Figura complementar 15: Gráfico as funções moleculares do genoma AA *Avena longiglumis*.

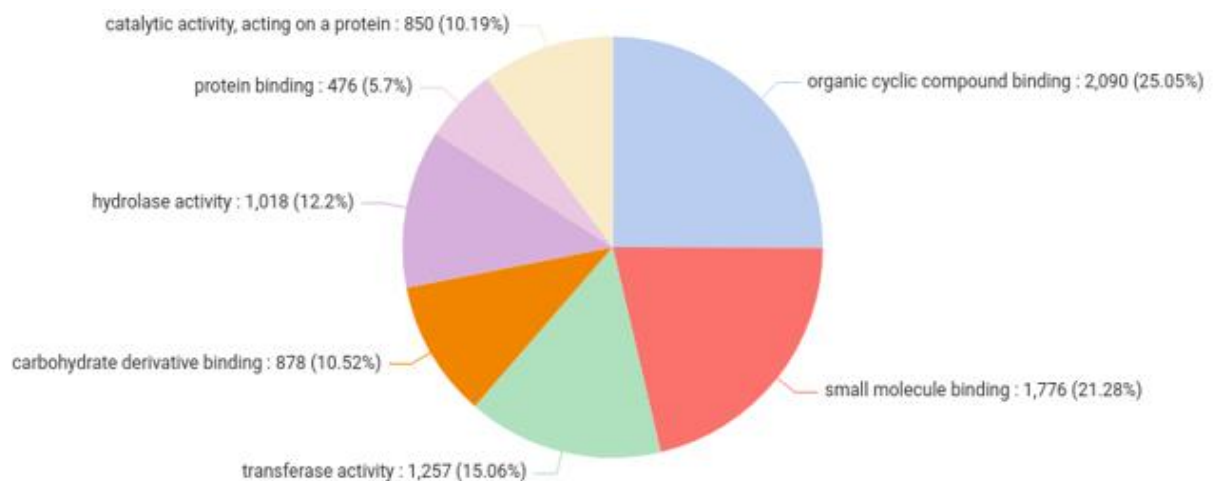


Figura complementar 16: Gráfico as funções moleculares do genoma CC *Avena insularis*.

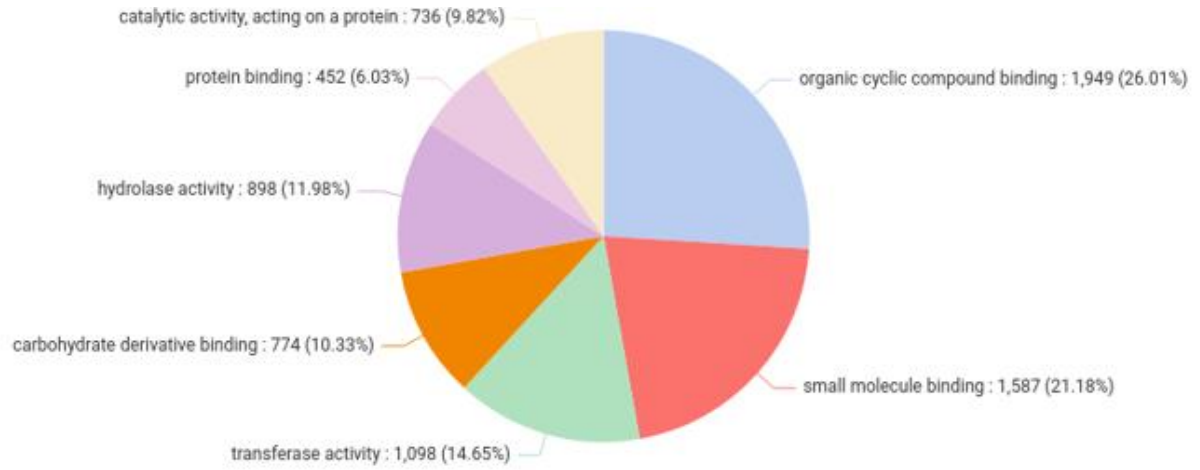


Figura complementar 17: Gráfico as funções moleculares do genoma DD *Avena insularis*.

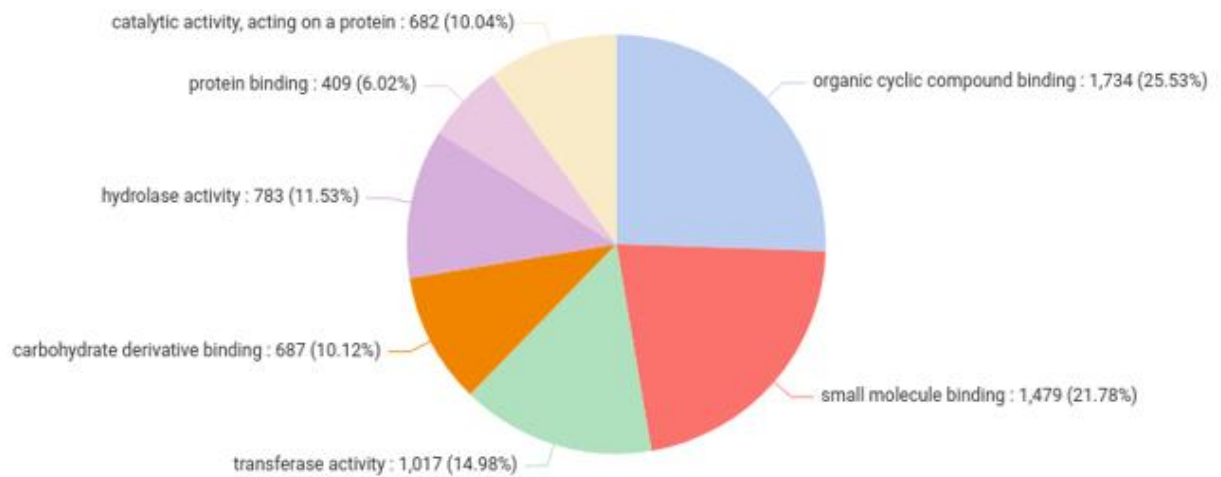


Figura complementar 18: Gráfico as funções moleculares do genoma AA *Avena sativa*.

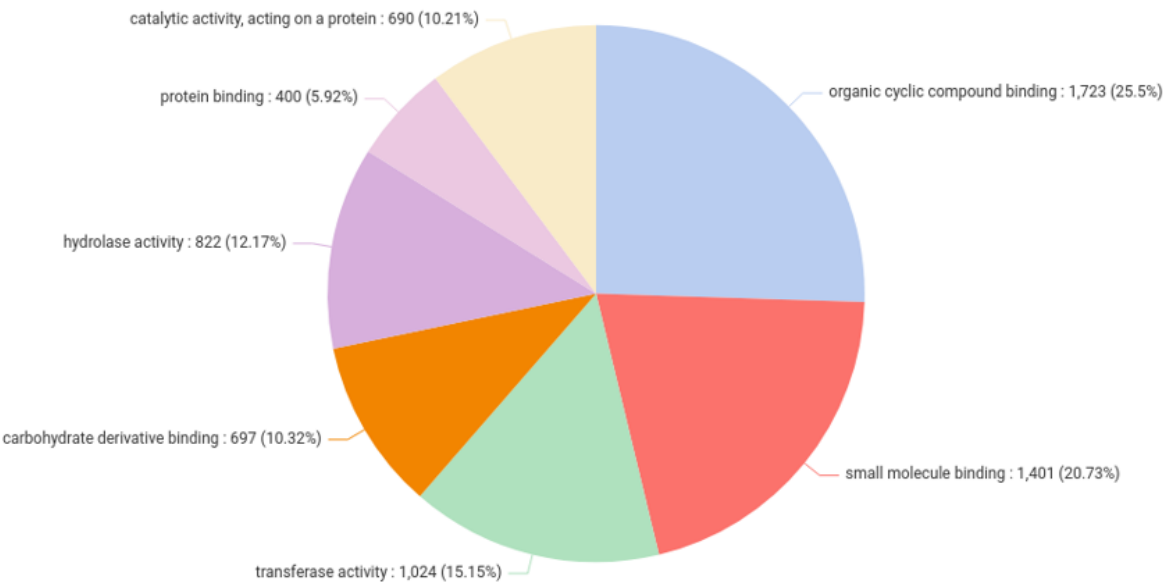


Figura complementar 19: Gráfico as funções moleculares do genoma CC *Avena sativa*.

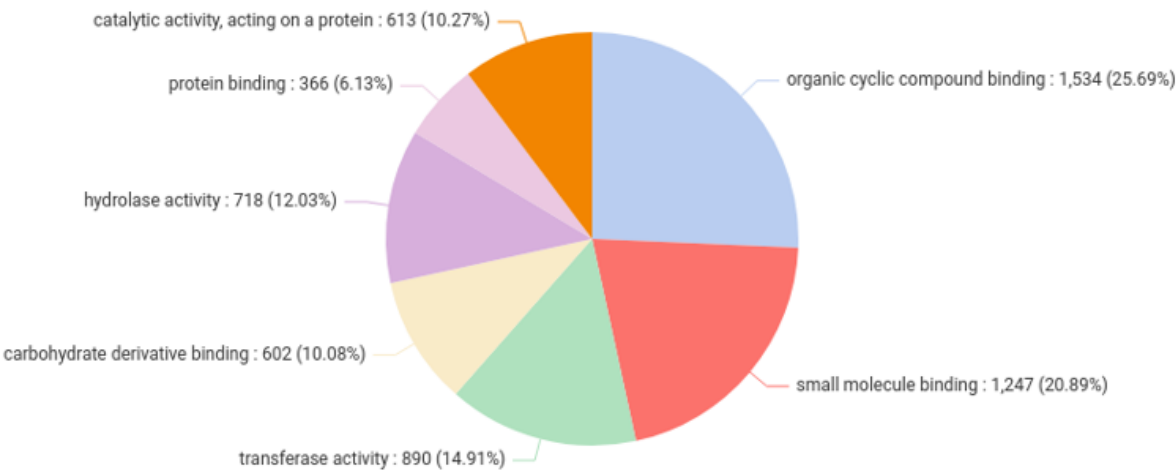


Figura complementar 20: Gráfico as funções moleculares do genoma DD *Avena sativa*.

