



PROSPECÇÃO E CARACTERIZAÇÃO *IN SILICO* DE MARCADORES SSR EM *Dyckia ibiramensis* (REITZ)

JOANA NASCIMENTO OLIVEIRA ZEIST¹; YOHAN FRITSCHÉ¹; LIANA BULCÃO BITTENCOURT PETRARCA¹;
TIAGO MONTAGNA¹, VALDIR MARCOS STEFENON¹

¹PPG Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, SC

OBJETIVOS

O presente estudo objetivou desenvolver marcadores moleculares microssatélites nucleares e organelares para *Dyckia ibiramensis*.

MATERIAL E MÉTODOS

O genoma total de um indivíduo de *D. ibiramensis* foi sequenciado utilizando uma plataforma de sequenciamento de nova geração minION Nanopore Oxford. A montagem dos contigs foi realizada utilizando a plataforma CLC Genomics. As regiões microssatélite foram prospectadas com auxílio do software SSRlocator e o desenho de primers foi realizado com o programa Primer3. A validação *in silico* das regiões microssatélite foi realizada com o software SPCR, utilizando o genoma sequenciado como alvo para as amplificações. A caracterização da origem de cada locus (genoma nuclear em regiões não-codificadores, genoma nuclear ligado a regiões gênicas, genoma plastidial ou genoma mitocondrial) foi realizada através do algoritmo BLAST, com auxílio do programa Genious.

RESULTADOS

Foram prospectadas 116.768 regiões microssatélites no genoma de *D. ibiramensis*, com predominância de motivos monômeros (93.671 loci), seguido por dímeros (20.589 loci), trímeros (2.320 loci), hexâmetros (270 loci), tetrâmeros (173 loci) e pentâmeros (15 loci). A análise de PCR virtual para a validação *in silico* demonstrou aproximadamente 70% desses loci com padrões de amplificação compatíveis com o esperado para um marcador molecular, ou seja, uma única banda no tamanho esperado, sem sobreposição de outras amplificações inespecíficas. Foram identificados loci microssatélites de origem nuclear e organelar, em regiões não-codificantes e ligados a genes.

CONCLUSÃO

Esses marcadores poderão ser utilizados em estudos de genética populacional e evolução da espécie, possibilitando a comparação de padrões alélicos em regiões sobre pressão evolutiva e em regiões neutras. Também será possível estudar fluxo gênico a partir de sementes (herança biparental, avaliada com marcadores nucleares) ou de pólen (herança uniparental, avaliada com marcadores organelares). Além disso, esses marcadores poderão ser empregados em estudos em outras espécies taxonomicamente próximas de *D. ibiramensis*.

AGRADECIMENTOS

FAPESC, CNPq e CAPES pelo apoio financeiro e bolsas