



Nº 328 – Identificação de regiões microssatélites a partir de sequenciamento de baixa cobertura de *Eugenia klotzschiana* Berg. (Myrtaceae, Myrteae)

Leonardo C. J. Corvalán^{1,2}; Larissa R. Carvalho^{1,2}; Ramilla S. Braga-Ferreira^{1,2}; Cíntia P. Targueta^{1,2}; Mariana P. C. Telles^{1,2,3}; Rhewter Nunes^{1,2,4}

¹ Laboratório de Genética & Biodiversidade - Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Goiás, Brasil. ² Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia – Ecologia, Evolução e Conservação da Biodiversidade (INCT - EECBio). ³ Pontifícia Universidade Católica de Goiás, Goiânia, Goiás, Brasil. ⁴ Instituto Federal de Goiás - Campus de Goiás, Goiás, Goiás, Brasil.

OBJETIVOS

Montar o primeiro genoma nuclear *Eugenia klotzschiana*, utilizando sequenciamento de baixa cobertura, para a identificação de regiões microssatélites (SSRs);

MATERIAL E MÉTODOS

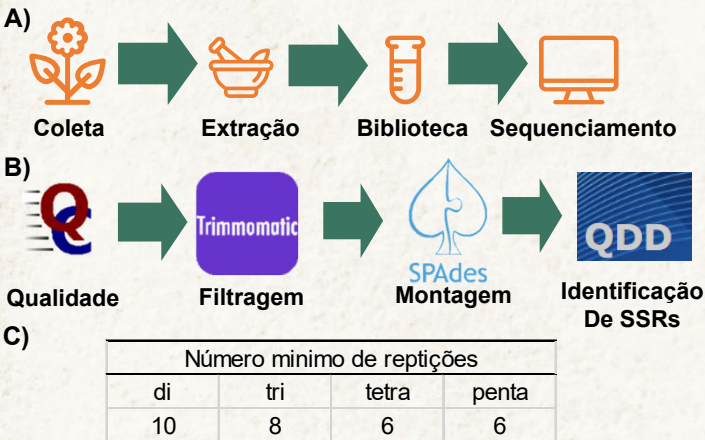


Figura 01. A) Protocolo laboratorial, coleta de material foliar de *E. klotzschiana*, extração de DNA, preparo de biblioteca de sequenciamento para sequenciamento no equipamento *Illumina Miseq* (kit *Miseq v3- 600 cycles*); B) Pipeline de montagem de genoma e identificação de microssatélites; C) Número de repetições mínimas para cada motivo de repetição.

RESULTADOS

A) **11,7 Milhões paired-end (PE) reads** **71,38% (8.380.988 PE Reads)**

B)

| Parâmetros | Valores |
|---------------------|----------------|
| Tamanho total | 249.911.082 pb |
| % do genoma coberto | 92,55% |
| N50 | 2880 |
| L50 | 25116 |
| Número de contigs | 131507 |
| Menor contig | 500 pb |
| Maior contig | 113288 pb |

C)

| Número de microssatélites | | | | |
|---------------------------|------|-------|-------|-------|
| Di | Tri | Tetra | Penta | Total |
| 9935 | 1477 | 437 | 157 | 12006 |

Figura 02. A) Total de leituras de sequenciamento geradas e filtradas; B) Parâmetros de qualidade do rascunho do genoma de *E. klotzschiana*; C) Número de SSRs para cada motivo de repetição.

CONCLUSÃO

Testes de transferibilidade de primers SSRs para *E. klotzschiana* indicaram a necessidade de desenvolver primer específicos. Este trabalho soma-se ao genoma cloroplastidial fornecendo importantes recursos genômicos para *E. klotzschiana*. Este trabalho, fornece um rascunho do genoma e foi possível



Figura 03. *E. klotzschiana*

identificar grande quantidade de regiões SSRs com potencial utilização na conservação e uso deste importante recurso genético do Cerrado.

AGRADECIMENTOS

