



Nº 329 – *Melipona fasciculata* (Apidae – Meliponini): genoma nuclear parcial por sequenciamento de baixa cobertura

Leonardo C. J. Corvalán^{1,2}; Larissa R. Carvalho^{1,2}; Ramilla S. Braga-Ferreira^{1,2}; Cíntia P. Targueta^{1,2}; Pedro V. A. Brito³; Carlos de M. e Silva-Neto⁴; Mariana P. C. Telles^{1,2,5}; Rhewter Nunes^{1,2,4*}

¹Laboratório de Genética & Biodiversidade - Universidade Federal de Goiás, Brasil. ²Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia Ecologia, Evolução e Conservação da Biodiversidade (INCT-EECBio). ³Laboratório de Estudos Morfológicos - Universidade Federal de Goiás, Brasil. ⁴Instituto Federal de Goiás - Campus de Goiás, Brasil. ⁵Pontifícia Universidade Católica de Goiás, Brasil

OBJETIVOS

Disponibilizar uma montagem parcial do genoma nuclear de *Melipona fasciculata* Smith 1854.

MATERIAL E MÉTODOS

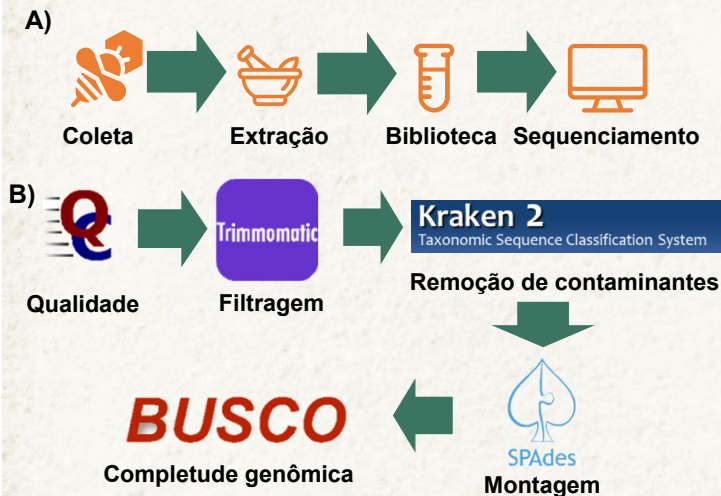


Figura 01. A) Protocolo laboratorial, Coleta de espécime, extração de DNA, preparo de biblioteca de sequenciamento para sequenciamento no equipamento *Illumina Miseq* (kit *Miseq v3- 600 cycles*); B) Pipeline de identificação de contaminantes, montagem de genoma nuclear e avaliação de completude.

RESULTADOS

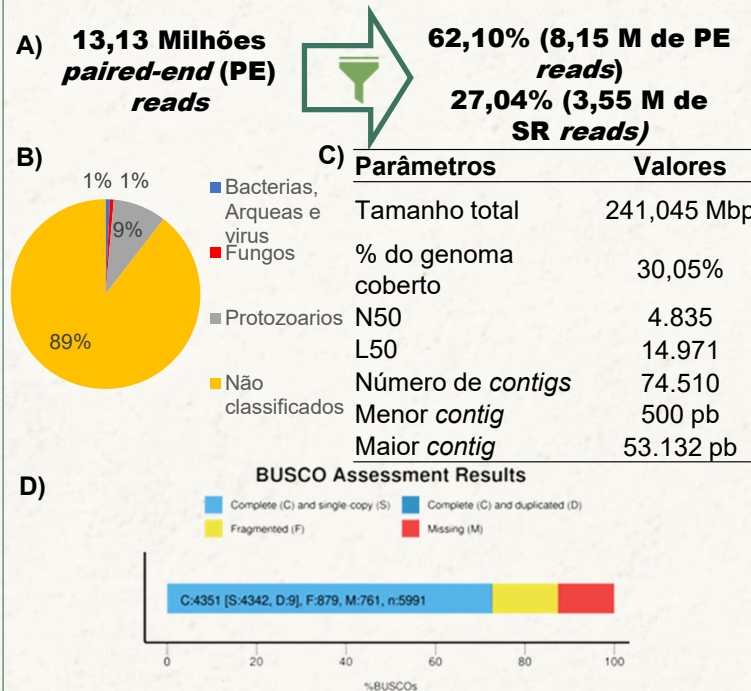


Figura 02. A) Total de reads antes e após a filtragem; B) Quantidade de contaminantes nos reads; C) Caracterização do genoma de *M. fasciculata*; D) Número de genes BUSCO encontrados no genoma de *M. fasciculata*.

CONCLUSÃO

Atualmente, apenas as espécies de abelhas sem ferrão *Frieseomelitta varia* e *Melipona scutellaris* (tribo meliponini) tem seu genoma disponibilizado em banco de dados públicos.

Assim, este trabalho foi o primeiro a disponibilizar um rascunho do genoma *M. fasciculata* por sequenciamento de baixa cobertura do genoma. Com isso, aproximadamente 72,7% da parte codificante do genoma sequenciado.



Figura 03. *M. fasciculata* (Cristianp Merezes - <https://specieslink.net>)

AGRADECIMENTOS

