

## MONTAGEM E CARACTERIZAÇÃO DO GENOMA DO CLOROPLASTO DE *Amburana cearensis* (ALLEMÃO) A.C. SMITH (FABACEAE)

Adriana Maria Antunes<sup>1,2\*</sup>; Cíntia P. Targueta<sup>2</sup>; Ramilla dos Santos Braga  
Ferreira<sup>2</sup>; Thannya Nascimento Soares<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Pós doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás.

<sup>2</sup>Laboratório de Genética e Biodiversidade. Universidade Federal de Goiás.

\*adrianaantunesbio@gmail.com.

*Amburana cearensis* (Allemão) A.C. Smith é uma espécie arbórea, conhecida popularmente como cerejeira, amplamente distribuída nas regiões Nordeste, Sudeste e Centro-Oeste do Brasil. Esta espécie é usada para fins medicinais, no paisagismo e madeiros. Apesar da sua importância de uso, poucos estudos genéticos são encontrados na literatura para *A. cearensis* e novos conhecimentos tornam-se importantes para uso e conservação desta espécie. O objetivo do presente estudo foi sequenciar, montar e anotar a sequência completa do genoma do cloroplasto de *A. cearensis*. Foram coletadas folhas de um indivíduo em Porto Murinho – MS. O DNA foi extraído usando o protocolo CTAB 2%. A biblioteca genômica foi preparada com o kit *Agilent SureSelect* QXT e o sequenciamento foi realizado na plataforma MiSeq da Illumina com o kit Miseq v3 de 600 ciclos (2x300 bp, *reads paired-end*). A montagem *de novo* do genoma do cloroplasto foi realizada com o pipeline FastPlast. A anotação de genes foi realizada com a ferramenta GeSeq e a identificação de microssatélites com o programa Misa. O genoma do cloroplasto tem 162.567 pb de comprimento e apresenta uma estrutura quadripartida, com um par de repetições invertidas (IRs: 25.209 pb) separadas pelas regiões de cópia única grande (LSC: 91.878 pb) e cópia simples pequena (SSC: 20.271 pb). Foram identificados 125 genes, dos quais 108 são únicos, sendo 75 genes codificadores de proteínas, 29 genes de tRNA e 4 genes de rRNA. Um total de 15 genes apresentaram íntrons e 138 regiões microssatélites foram identificadas, com os dinucleotídeos sendo os mais abundantes (71%). As sequências do genoma do cloroplasto de *A. cearensis* serão úteis em estudos filogenéticos, genética de populações, filogeografia e sistemática molecular. Assim, os dados relatados neste trabalho representam uma valiosa adição aos escassos recursos genômicos disponíveis para esta espécie.

**Palavras-chave:** genoma cloroplastidial; recursos genéticos vegetais; sequenciamento de alto rendimento.

**Agradecimentos:** Este trabalho foi realizado no contexto do grupo de trabalho em Genética e Genômica Evolutiva, do INCT - Ecologia, Evolução e Conservação da Biodiversidade (CNPq/FAPEG). O desenvolvimento do trabalho foi apoiado pela bolsa de pós-doutorado concedida pela Capes e bolsa de produtividade concedida pelo CNPq.