

## MONTAGEM DO GENOMA E DESENHO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES PARA O CLOROPLASTO DE *Mouriri pusa* GARDNER (MELASTOMASTACEAE)

Juliana Borges Pereira Brito Freitas<sup>1,2</sup>; Adriana Maria Antunes<sup>1,2</sup>; Ramilla dos Santos Braga Ferreira<sup>2</sup>; Lázaro José Chaves<sup>1</sup>; Mariana Pires de Campos Telles<sup>2</sup>; Cíntia Pelegrineti Targueta de Azevedo Brito<sup>2</sup>; Thanny Nascimento Soares<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. <sup>2</sup>Laboratório de Genética e Biodiversidade. \*E-mail do autor apresentador: juliana.freitas@seduc.gov.br.

*Mouriri pusa* Gardner, conhecida como jabuticaba-do-cerrado ou puçá preto, é um promissor recurso genético encontrado nas regiões de cerrado brasileiro. Trata-se de uma espécie arbórea de médio porte, muito apropriada para o paisagismo, que possui frutos saborosos e adocicados, além de ser utilizada na medicina popular. Apesar da sua importância de uso, existem poucos trabalhos sobre a genética desta espécie. Neste contexto, este trabalho teve como objetivo montar o genoma cloroplastidial completo e disponibilizar ferramentas moleculares para a realização de futuros estudos genéticos com *M. pusa*. Foram coletadas folhas jovens e sadias no Maranhão para a extração do DNA, utilizando o protocolo baseado em brometo de cetiltrimetilamônio (CTAB). O preparo da biblioteca genômica deste indivíduo foi realizado com o protocolo *Nextera DNA Flex* e o sequenciamento foi realizado utilizando o kit de sequenciamento *MiSeq v3* de 600 ciclos (2x250bp, *reads paired-end*) na plataforma *Illumina MiSeq*. A validação da qualidade dos *reads* foi realizada utilizando o *software FastQC* e as sequências de adaptadores e bases de baixa qualidade foram removidas através do *software Trimmomatic*. A montagem *de novo* das sequências genômicas foi realizada com o montador *GetOrganelle*. *M. pusa* apresentou genoma tipicamente circular e quadripartido, com 155.244 pb, composto por duas regiões invertidas com 25.727 pb (IRA) e 25.726 (IRB), separadas por uma região de cópia única curta (SSC), com 18.488 pb e uma região de cópia longa (LSC) com 85.303 pb. Foram identificados 134 genes, dentre eles, 115 genes são de cópia simples e 19 duplicados nas regiões invertidas. O *software Misa* identificou 44 regiões microssatélites, sendo que os mononucleotídeos foram os mais abundantes. Foram desenhados 6 pares de *primers* para amplificar as regiões microssatélites selecionadas com motivos de repetição: TATT, TCAA, ATTT, TTAA, TAAT e AAGA. Este trabalho disponibiliza o primeiro genoma cloroplastidial de *M. pusa*, representando o início da caracterização genômica deste importante recurso genético vegetal.

**Palavras-chave:** anotação genômica; genoma cloroplastidial; recursos genéticos vegetais.

**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). Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da Universidade Federal de Goiás.