

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

Joana Nascimento Oliveira Zeist^{1*}; Yohan Fritsche¹; Liana Bulcão Bittencourt
Petarca¹; Tiago Montagna¹, Valdir Marcos Stefenon¹

¹PPG Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Federal de Santa Catarina, *E-mail do autor apresentador: ojoana140@gmail.com

Dyckia ibiramensis (Reitz) é uma bromélia rara e endêmica da região do Alto Vale do Rio Itajaí, no estado de Santa Catarina. Populações desta espécie foram registradas em somente nove pontos distribuídos ao longo de 4,0 km em fraturas e rochas às margens do Rio Hercílio, no município de Ibirama. É uma espécie rupícola, heliófita e reófito, apresenta crescimento clonal vegetativo. Em 2022 a lista do MMA de espécies ameaçadas e o CNCFlora classificaram *D. ibiramensis* como espécie "Em Perigo". Dada a escassez de informações genéticas para a conservação dessa espécie, o presente estudo objetivou desenvolver marcadores moleculares microsatélites nucleares e organelares para *D. ibiramensis*. 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 microsatélite foram prospectadas com auxílio do software SSRlocator e o desenho de primers foi realizado com o programa Primer3. A validação *in silico* (PCR virtual) das regiões microsatélite foi realizada com o software SPCR, utilizando o genoma sequenciado como alvo para as amplificações. Essa análise visa identificar os loci que originam um padrão de amplificação de banda única ou com múltiplas bandas, mas sem sobreposição. 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 por meio do algoritmo BLAST, com auxílio do programa Genious. Foram prospectadas 116.768 regiões microsatélites 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 microsatélites de origem nuclear e organelar, em regiões não-codificantes e ligados a genes. 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 com espécies taxonomicamente próximas de *D. ibiramensis*.

Palavras-chave: microsatélites; Bromeliaceae; sequenciamento de nova geração.

Agradecimentos: FAPESC, CNPq e CAPES pelo apoio financeiro e bolsas