

## Identificação de regiões microssatélites a partir de sequenciamento de baixa cobertura de *Eugenia klotzschiana* Berg. (Myrtaceae, Myrteae)

Leonardo C. J. Corvalán<sup>1,2\*</sup>; Larissa R. Carvalho<sup>1,2</sup>; Ramilla S. Braga-Ferreira<sup>1,2</sup>; Cíntia P. Targueta<sup>1,2</sup>; Mariana P. C. Telles<sup>1,2,3</sup>; Rhewter Nunes<sup>1,2,4</sup>.

<sup>1</sup> Laboratório de Genética & Biodiversidade - Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Brasil.

<sup>2</sup> Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia – Ecologia, Evolução e Conservação da Biodiversidade (INCT - EECBio).<sup>3</sup> Pontifícia Universidade Católica de Goiás, Goiânia, Brasil.

<sup>4</sup> Instituto Federal de Goiás - Campus de Goiás, Goiás, Brasil.

\*Leonardocorvalan@discente.ufg.br

As regiões microssatélites são repetições simples em tandem (SRRs) que apresentam potencial de utilização como marcadores moleculares em estudos de genética de populações. A identificação destas regiões é a primeira etapa para o desenvolvimento de primers específicos para avaliar polimorfismos genéticos em regiões de SSRs. *Eugenia klotzschiana* Berg. (Myrtaceae, Myrteae) é uma árvore frutífera presente na lista brasileira de Plantas para o Futuro do Ministério do Meio Ambiente. Contudo, a área de ocorrência natural da espécie tem diminuído em função do avanço da fronteira agrícola, e a utilização de marcadores SSRs pode contribuir para as estratégias de conservação e manejo. Neste trabalho, foi montado o primeiro rascunho do genoma nuclear de *E. klotzschiana*, possibilitando a identificação de SSRs. Para isso, foi extraído DNA foliar de um indivíduo, localizado em Senador Canedo-GO com o protocolo CTAB, seguindo para o preparo da biblioteca genômica com o *kit Agilent SureSelect QXT*. O sequenciamento foi realizado no equipamento *illumina Miseq*, utilizando o kit *Miseq v3 (600 cycles)*. A qualidade dos *reads* foi obtida utilizando o programa *FastQC* e então filtrado no programa *Trimmomatic*. A montagem do genoma nuclear foi conduzida utilizando o programa *SPAdes*. Para identificação das regiões SSRs foi empregado o *QDD version 3*, definindo um número mínimo de repetições de 10, 8, 6, 6, para di-, tri-, tetra- e pentanucleotídios, respectivamente. Foram obtidos 11.741.367 *paired-end reads* brutos, dos quais 71,38% permaneceram após a filtragem. Foi recuperado um genoma nuclear de 249.911.082 pb (N50 = 2.880; L50 = 25.116) e 131.507 *scaffolds* com tamanhos que variam de 500 pb a 113.288 pb. Com isso, foi possível identificar 12.006 SSRs, sendo 9.935 repetições dinucleotídicas, 1.477 trinucleotídicas, 437 tetranucleotídicas e 157 pentanucleotídicas. Assim, foi produzido o primeiro rascunho do genoma nuclear de *E. klotzschiana*, com a identificação de SSRs com potencial utilização para a conservação e uso desse recurso genético do Cerrado.

**Palavras-chave:** Cerrado; Genotipagem por sequenciamento; Genômica de populações;

**Agradecimentos:** Este trabalho foi conduzido no contexto do Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia de Ecologia, Evolução e Conservação da Biodiversidade, financiado pela FAPEG, CAPES e CNPq.