

## *Melipona fasciculata* (Apidae – Meliponini): genoma nuclear parcial por sequenciamento de baixa cobertura

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>; Pedro V. A. Brito<sup>3</sup>; Carlos de M. e Silva-Neto<sup>4</sup>; Mariana P. C. Telles<sup>1,2,5</sup>; Rhewter Nunes<sup>1,2,4\*</sup>

<sup>1</sup> Laboratório de Genética & Biodiversidade - Universidade Federal de Goiás, Brasil. <sup>2</sup> Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia Ecologia, Evolução e Conservação da Biodiversidade (INCT-EECBio). <sup>3</sup> Laboratório de Estudos Morfológicos - Universidade Federal de Goiás, Brasil. <sup>4</sup> Instituto Federal de Goiás - Campus de Goiás, Brasil. <sup>5</sup> Pontifícia Universidade Católica de Goiás, Brasil. \*E-mail do autor apresentador: leonardocorvalan@discente.ufg.br

*Melipona fasciculata* Smith 1854, conhecida como abelha tiúba, é uma abelha sem ferrão nativa do Brasil, polinizadora de plantas nativas e cultivadas. Além disso, o mel e a própolis produzidos por *M. fasciculata* apresentam propriedades medicinais e elevado valor de mercado. Embora já existam criações comerciais dessa abelha, pouco se sabe sobre aspectos genéticos e genômicos da espécie. Dados genômicos auxiliam no desenvolvimento de ferramentas moleculares para a conservação e uso dos recursos genéticos. Neste sentido, o objetivo do trabalho foi disponibilizar uma montagem parcial do genoma nuclear de *M. fasciculata*. Para isso, foi extraído o DNA total da região da cabeça e do tórax de uma abelha operária utilizando protocolo com tampão TNES e proteinase K. A biblioteca genômica foi preparada utilizando o *kit Nextera Flex Library Prep (Illumina)* e o sequenciamento foi realizado em equipamento *Miseq* utilizando o *illumina Miseq v3 Reagent (600 cycles)*. A qualidade e a filtragem dos *reads* foram avaliadas pelos programas *FastQC* e *trimmomatic*. Possíveis contaminações foram removidas utilizando os programas *Kraken* e *Kraken2* (bancos de dados-db): *Minikraken*, *Fungi* e *Protozoa*. A montagem do genoma foi realizada utilizando o *SPAdes* e para avaliar a completitude do genoma foi utilizado o programa BUSCO (db: *hymenoptera\_odb10*). Foram obtidos 13.133.607 *reads*, das quais 62,10% permaneceram pareadas após o uso do filtro de qualidade e 27,04% passaram no filtro, porém não foram pareadas. Ao total foram removidas 838.119 sequências devido à contaminação de bactérias, arqueas, vírus, fungos e de protozoários. Assim, foi possível recuperar um genoma de tamanho igual a 241.045.724 pb (N50:4.835; L50:14.971) em 74.510 *scaffolds*, que variam de 53.132~500 pb. Com isso, foi possível recuperar 72,7% de genes BUSCO completos. Apenas as espécies de abelhas sem ferrão *Frieseomelitta varia* e *M. scutellaris* apresentam genomas disponíveis. Então, fornecemos um genoma nuclear parcial de *M. fasciculata*.

**Palavras-chave:** Abelha tiúba; Abelhas sem ferrão; Meliponicultura.

**Agradecimentos:** O trabalho foi conduzido no contexto do INCT Ecologia, Evolução e Conservação da Biodiversidade, financiado pela FAPEG, CAPES e CNPq e financiado pelo projeto PDCTR (FAPEG/CNPq-Processo número: 202110267000863).