



DESENVOLVIMENTO DE NOVOS MICROSSATÉLITES EM *Araucária angustifolia* VIA REDUÇÃO DE COMPLEXIDADE GENÔMICA E SEQUÊNCIAMENTO

LUCILEIDE VILELA RESENDE¹; VALDERES A. DE SOUSA², ORZENIL B. SILVA-JUNIOR³, DARIO GRATTAPAGLIA⁴

¹ Bolsista de Pós-doutorado Júnior do CNPq, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília/DF, e-mail: lvilelar@gmail.com

² Pesquisadora - EMBRAPA Florestas - email:valderes.sousa@embrapa.br

³ Pesquisador - Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília/DF, email: orzenil.silva@embrapa.br

⁴ Pesquisador - Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília/DF, e-mail: dario.grattapaglia@embrapa.br

Resumo: Objetivou-se desenvolver novos locos microssatélites para *Araucária angustifolia* a fim de avaliar a diversidade genética de 991 plantas do Teste de Procedências e progênies instalado pelo Instituto Florestal de São Paulo em Agudos, SP. Foram utilizados 24 indivíduos para testar 137 novos pares de iniciadores desenhados a partir de dados de um experimento de genotipagem de SNPs por sequenciamento utilizando a técnica de redução de complexidade genômica RAD (Restriction Associated DNA) sequencing com a enzima PstI. Destes 137 locos, 75,91% foram monomórficos, 5,11% não amplificaram produtos visíveis, 12,41% foram polimórficos e 6,57% apresentaram amplificação inespecífica. Para a genotipagem dos 991 indivíduos foram utilizados 12 locos microssatélites, sendo dez novos locos e dois previamente desenvolvidos atuando como controle. O número total de alelos encontrados foi igual a 92, gerando uma média de 7,67 alelos por loco, variando entre quatro (Aa-343276 e Aa-308306) e 26 (Aa- 53325). O valor médio de H_e foi igual a 0,49, variando entre 0,06 e 0,87, o valor médio de H_o foi igual a 0,38, variando entre 0,07 e 0,65 e o valor médio de f foi igual a 0,23 variando entre -0,03 e 0,5, indicando a existência de um nível significativo de endocruzamento nas populações amostradas. Os resultados indicam que no genoma complexo de coníferas, enquanto o processo de redução de complexidade genômica gerado pelo RAD sequencing seguido de alinhamento de sequências sobre uma pseudo-referência genômica é muito eficiente para a descoberta e genotipagem de SNPs, ele seleciona contra sequências microssatélites hipervariáveis, não sendo, portanto indicado para o desenvolvimento de locos microssatélites polimórficos. Não está claro no momento se este resultado se aplica da mesma forma para genomas mais simples de angiospermas.

Palavras-chave: Locos SSR, RAD sequencing, Teste de Procedências e progênies.

Apoio Financeiro: CNPq, EMBRAPA, FAP-DF