



CARACTERIZAÇÃO DE REGIÕES MICROSSATÉLITES NO GENOMA DE *Hancornia speciosa* (APOCYNACEAE)

STELA BARROS RIBEIRO¹; MARIANA PIRES DE CAMPOS TELLES²; ALEXANDRE SIQUEIRA GUEDES COELHO³

¹Bióloga, estudante de pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Goiás, Goiânia- GO, e-mail: stela.barrosribeiro@gmail.com

²Professora da Universidade Federal de Goiás-GO, Instituto de Ciências Biológicas, e-mail: tellesmpc@gmail.com

³Professor da Universidade Federal de Goiás-GO, Escola de Agronomia, e-mail: alexandre.coelho@icloud.com

Resumo: A partir da montagem parcial de sequências genômicas obtidas pelo uso de tecnologias de sequenciamento de nova geração, o presente estudo teve como objetivo realizar a caracterização de regiões microssatélites presentes no genoma de *Hancornia speciosa* Gomes (mangabeira). O DNA genômico foi extraído a partir de uma amostra de tecido foliar de um indivíduo do banco de germoplasma da UFG. A biblioteca de DNA foi construída utilizando o kit *Nextera® DNA Sample Preparation* (Illumina). A amostra foi submetida ao sequenciamento na plataforma MiSeq (Illumina). As sequências geradas foram avaliadas quanto à qualidade com os programas FastQC e Trimmomatic. O *assembly* foi realizado pelo uso do software MaSuRCA. O resultado do *assembly* foi utilizado para identificação de regiões microssatélites por meio da versão *web* do *software* IMEx. Foram obtidos 394 *contigs*, dos quais 115 continham mais de 1kb, sendo quatro com mais de 10kb. Foram identificadas 3975 regiões microssatélites, das quais 3508 contendo microssatélites perfeitos e 467 microssatélites imperfeitos. Os mononucleotídeos com motivo de repetição A/T ocorreram com 66% de frequência e a maior região foi composta por 34 nucleotídeos. A partir de alguns critérios como tamanho da região, número de repetições e conteúdo G/C, foram selecionadas 12 regiões contendo microssatélites perfeitos que poderão ser utilizados como marcadores genéticos. Os resultados mostraram que a abordagem adotada foi eficiente, pois forneceu boa quantidade de regiões microssatélites para o desenvolvimento de *primers* com tempo e custo reduzido, tornando sua aplicação viável para o desenvolvimento de ferramentas moleculares para a caracterização das espécies consideradas recursos genéticos, como é o caso de *H. speciosa*.

Palavras-chave: mangabeira; microssatélites; sequenciamento