



ANÁLISE DE DNA REPETITIVO NO GENOMA DE *Tubixaba tuxaua*. Repeat DNA analysis in the genome of *Tubixaba tuxaua*. Silva, S.A.^{1,2}; Souza, R.F.¹; Machado, A.C.Z.²; da Rosa, R.¹. ¹UEL, Londrina, PR. ²Agronema, Londrina, PR. email: santinoaleandro@gmail.com

O estudo dos DNAs repetitivos tem contribuído para o avanço no conhecimento da evolução e organização genômicas de diversos organismos, tal como dos nematoides. Apesar do número de genomas de nematoides sequenciados, diante da quantidade de espécies do Filo Nematoda a representatividade ainda é baixa. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi sequenciar, organizar e anotar sequências de DNAs repetitivos no genoma de *Tubixaba tuxaua*. O DNA total foi extraído de um pool composto por 100 espécimes, e submetido ao sequenciamento NextSeq 2x100pb, com cobertura de 10 milhões de *clusters*. As *reads* originais foram verificadas quanto à qualidade pelo software FastQC v.0.11.9 e trimadas com Trimmomatic v.0.39. Foram observadas um total de 8.378.384 *reads* e 41% GC na composição do genoma sequenciado, as *reads* obtidas apresentaram alta qualidade de acordo com PHRED (q-score) >30. A identificação e caracterização dos elementos repetitivos por agrupamento baseado em similaridade foi realizada com o RepeatExplorer2 pipeline e a implementação foi realizada no servidor Galaxy. O *pipeline* RepeatExplorer2 fornece anotação automatizada de elementos transponíveis (TEs) e identificação de repetições em tandem, além da proporção genômica de cada *cluster* de elementos repetitivos, calculada como a porcentagem de *reads*. As proporções obtidas foram: 7,09% DNA repetitivo não classificado (evidência conflitante), 24,65% Satélite, 0,74% LTR, 0,16% Ty3_gypsy, 0,03% Bel-Pao, 0,97% Maverick, 0,09% Helitron, 1,81% mitocôndria, 12,02% Não classificado (sem evidência). Os resultados obtidos corroboram resultados para outras espécies, e podem ser usados para estudos de análise evolutiva do genoma e estudos de organização cromossômica.