

## DESENHO DE *PRIMERS* PARA MARCADORES SSR-GBS E DNA *BARCODE* EM *Mouriri elliptica* (Melastomataceae)

Juliana Borges Pereira Brito<sup>1,2</sup>; Adriana Maria Antunes<sup>1,2</sup>; Ramilla dos Santos Braga-Ferreira<sup>3</sup>; Mariana Pires de Campos Telles<sup>2,4</sup>; Cíntia Pelegrineti Targueta<sup>2</sup>; Thannya Nascimento Soares<sup>1,2</sup>.

<sup>1</sup>Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás (UFG). <sup>2</sup>Laboratório de Genética & Biodiversidade, UFG. <sup>3</sup>Universidade Federal de Rondonópolis, MT. <sup>4</sup>Escola de Ciências Médicas e da Vida, PUC Goiás. \*juliana.freitas@educ.go.gov.br.

*Mouriri elliptica* é um recurso genético vegetal de valor ecológico e potencial econômico, devido às suas propriedades medicinais e alimentícias. Entretanto, a diversidade genética de suas populações é pouco estudada. A genotipagem por sequenciamento (GBS) de regiões microssatélites e DNA barcode pode ser uma estratégia rápida e econômica para estudos genéticos populacionais. Este estudo objetivou desenhar primers para amplificação de regiões microssatélites e DNA barcode (ITS, rbcL e matK) para a caracterização genética e identificação molecular de *M. elliptica*. Foram realizadas as seguintes etapas: 1) Desenho de primers para PCR multiplex, reduzindo custos; 2) Desenho de primers que produzam fragmentos compatíveis para genotipagem em plataformas Illumina, otimizando o tempo e aumentando a informação de microssatélites, permitindo acessar os alelos por tamanho e constituição de bases das sequências. Os primers foram desenhados a partir de sequências, totalizando 3,3 Gb de dados, obtidas por sequenciamento de baixa cobertura do genoma da espécie, na plataforma Illumina MiSeq. Para identificação das regiões microssatélites e desenho de primers, utilizou-se o software QDD, analisando 5360 sequências do genoma nuclear. A filtragem incluiu a remoção de motivos de repetição AAA\*, motivos 100% AT, trinucleotídeos, regiões associadas a elementos transponíveis e motivos menores que 30 pb. Selecionou-se um par de primers por sequência, com distância mínima do primer em relação à região microssatélite >20 e produtos de PCR entre 150-200 pb. Para o desenho dos primers de DNA barcode, utilizou-se o Primer3, com comprimento entre 18-23, razão GC de 0,4-0,6 e Tm entre 48- 62°C. O OpenPrimeR otimizou a multiplexação, resultando em três conjuntos de 10 pares de primers para PCR multiplex. Os motivos das regiões microssatélites incluíram AG, AC e ACTC. Foram desenhados 5 pares de primers para as regiões de DNA barcode. Essas ferramentas moleculares serão essenciais para estudos que auxiliem na definição de estratégias de conservação e uso sustentável de *Mouriri elliptica*. A validação experimental dos primers desenvolvidos é a próxima etapa, destacando sua importância na pesquisa genética e conservação.

**Palavras-chave:** Conservação genética; DNA barcode; Marcadores moleculares; Microssatélites; *Mouriri elliptica*.

**Agradecimentos:** INCT EECBio (CNPq/FAPEG), CAPES, PPGGMP e UFG.