

GENOMA CLOROPLASTIDIAL COMPLETO DE SEIS ESPÉCIES DE *Dyckia* (BROMELIACEAE) ENDÊMICAS DOS CAMPOS RUPESTRES FERRUGINOSOS

João Victor da Silva Rabelo Araujo^{1*}; Ana Flávia Francisconi¹; Caroline Bertocco Garcia²; Cassio Van Den Berg³; Ana Cristina Silva Amoroso Anastacio⁴; Maria Imaculada Zucchi⁵

¹Universidade Estadual de Campinas. ²Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz – USP ³Universidade Estadual de Feira de Santana. ⁴Vale S.A. ⁵Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios – Piracicaba *j219958@dac.unicamp.br

Dyckia spp. são bromélias xeromórficas, com diversidade centrada nos Campos Rupestres ferruginos da Cadeia do Espinhaço. Apesar de sua riqueza, muitas espécies da região estão ameaçadas pela atividade humana. Devido à sua recente radiação – ainda no Pleistoceno – além de sua vasta plasticidade fenotípica e dos limitados registros em herbários, *Dyckia* apresenta desafios para sua correta identificação e o desenvolvimento de estratégias de conservação robustas. Apresentamos, pela primeira vez, sete genomas completos de cloroplastos de *Dyckia*, representando seis espécies raras restritas ao litobioma dos campos rupestres ferruginos. Nosso objetivo foi identificar *hotspots* de diversidade para servir como marcadores moleculares capazes de distinguir espécies dentro do gênero. O sequenciamento dos plastomas foi realizado usando a plataforma Illumina NextSeq 2000, e os genomas foram filtrados e montados de novo usando GetOrganelle v1.7.3.1 e NovoWrap. A anotação funcional dos genes foi realizada usando a plataforma Ge-seq. Múltiplos alinhamentos com outras espécies de bromélias foram conduzidos usando o Mauve v.2.4. Polimorfismos, incluindo SNPs, inserções/deleções (indels) e SSRs, foram detectados usando DnaSP v.5 e MISA-Web. Os tamanhos dos plastomas das espécies variaram de 159.689 pb a 159.264 pb, e o conteúdo de GC foi altamente consistente entre todas as espécies, variando entre 37,2% e 37,3%. Os plastomas contêm um conjunto uniforme de 132 genes, incluindo 86 genes codificadores de proteínas, oito RNAs ribossomais e 40 RNAs de transferência, com pequenas variações no comprimento entre as espécies. Apesar de sua similaridade geral, análises de polimorfismos identificaram três regiões de alta diversidade polimórfica – os genes *clpP1* e *psa1*, e a região espaçadora intergênica entre *trnT* e o fragmento *trnT* – que podem servir como marcadores moleculares dentro do gênero. Além disso, detectamos um alto número de SSRs (637), repetições dispersas (208), SNPs (1.035) e *indels* (823) entre as espécies em comparação com outras bromélias. Esses resultados destacam a dinâmica evolutiva de *Dyckia* dentro de seu litobioma e fornecem dados para auxiliar na identificação de espécies e facilitar novas investigações sobre a filogenética e biogeografia deste gênero.

Palavras-chave: Plastomas; Bromélias

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP)