

## NOVO CONJUNTO DE MARCADORES SSR-Seq E DE DNA BARCODE PARA *Dipteryx alata* (BARU - FABACEAE)

Kássia Marques Corrêa Miranda<sup>1</sup>; Victor Hugo Ribeiro Costa<sup>1, 2</sup>; Adriana Maria Antunes Taquary<sup>1</sup>; Amanda Alves de Melo Ximenes<sup>1</sup>; Cintia Pelegrineti Targueta<sup>1</sup>; Lázaro José Chaves<sup>2</sup>; Mariana Pires de Campos Telles<sup>1</sup>; Thannya Nascimento Soares<sup>1, 2</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Genética & Biodiversidade, Instituto de Ciências Biológicas I, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, Brasil.

<sup>2</sup>Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, Brasil. \*E-mail do autor apresentador: [victorcosta@discente.ufg.br](mailto:victorcosta@discente.ufg.br)

O baru (*Dipteryx alata* Vogel, *Fabaceae*) é um importante recurso genético do Cerrado brasileiro. O objetivo do trabalho foi desenvolver marcadores microssatélites (SSR) para genotipagem por sequenciamento (SSR-Seq) e de DNA *barcode* para sequenciamento de nova geração (NGS), a fim de aprimorar as ferramentas para caracterização genética de indivíduos e populações, apoiando os programas de conservação e melhoramento genético do baru. As sequências genômicas foram obtidas de um sequenciamento de alto rendimento prévio. A montagem obtida foi utilizada para identificar regiões SSR e o desenhar *primers* com o *software* QDD. Os critérios mínimos para repetições foram: dez para dinucleotídeos, seis tetranucleotídeos e cinco para pentanucleotídeos. Os *primers* foram projetados para amplicons entre 150-300 pb, com 30- 60% de GC (ideal: 40%), temperatura de fusão (T<sub>m</sub>) 52-62°C (ideal: 56°C) e comprimento de 20-25 pb (ideal: 22 pb). Após filtros de qualidade, 34 regiões com SSR de alto potencial foram selecionadas, excluindo sequências associadas aos elementos repetitivos ou com ricas em AT, selecionando aquelas com maior número de repetições em *tandem*. O *software* FastPCR foi utilizado para redesenhar, em multiplex, os *primers* SSR e de DNA *barcode* (amplicons até 200 pb). Para validar os *primers*, 24 indivíduos foram utilizados. Dos 34 marcadores SSR- Seq, 13 geraram resultados satisfatórios, sendo que a atribuição dos alelos foi baseada no tamanho e nas sequências obtidas. O número de alelos variou entre 4 e 14, com heterozigosidade esperada (H<sub>e</sub>) média de 0,750 e observada (H<sub>o</sub>) de 0,736. A probabilidade de exclusão de paternidade (Q) foi 0,999 e a probabilidade de identidade (I) de 8,19 x 10<sup>-16</sup>. As 6 regiões de DNA *barcode* (3 *rbcl* e 3 *matK*) foram sequenciadas com sucesso e a análise do blast relacionou os dados à espécie *D.alata*. Esses marcadores têm potencial para pesquisas futuras na área de recursos genéticos em populações de Baru.

**Palavras-chave:** Cerrado; espécies nativas; marcadores moleculares.

**Agradecimentos:** Capes (bolsa de mestrado), FAPEG e Fundação Grupo Boticário (projeto Rede CoMBaru, CP 02/2023, PROC. 202310267001290), INCT em Ecologia, Evolução e Conservação da Biodiversidade (financiado pelo CNPq, PROC. 465610/2014-5, e pela FAPEG, PROC. 201810267000023).