

DESENVOLVIMENTO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES PARA *Dyckia brevifolia* BAKER

Liana Bittencourt Petrarca¹; Joana Zeist¹; Suelen Guterres¹ Ana Kelly de Sousa¹, Danielle Silva¹, Dalvan Beise¹, Ingrid Brand¹, Yohan Fritsche¹, Tiago Montagna¹, Valdir Stefenon¹

¹ Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC) lianabttpetrarca@gmail.com.

Dyckia brevifolia Baker é uma bromélia réofita e endêmica encontrada em áreas disjuntas na extensão de 80 km ao longo do Rio Itajaí-Açu, em Santa Catarina. Atualmente a espécie é considerada “ criticamente Em Perigo ” (CR) e encontra-se ameaçada como resultado das atividades humanas que ocorrem na Bacia deste rio para construção de pequenas usinas hidrelétricas. Assim, levando em consideração a importância ecológica e ornamental de *D. brevifolia*, e seu estado de conservação, fazem -se necessárias estratégias para o conhecimento do genoma dessa espécie. Neste estudo, foi caracterizado o genoma parcial de *D. brevifolia* para prospecção de marcadores microssatélite (SSR). Para isso, foram coletadas amostras de plantas adultas a margens do rio Itajaí-Açu. O genoma parcial foi sequenciado utilizando a plataforma Oxford Nanopore Technologies e a posterior montagem utilizando o software Canu. Os primers para os loci SSR identificados foram projetados visando alelos com tamanho variando a 90 a 400 pb utilizando o software GMATA. Loci SSR identificados foram previamente validados *in silico* utilizando via PCR virtual e os contigs do presente sequenciamento como genoma-alvo, no software SPCR. A origem genômica dos loci SSR prospectados foi determinada a partir da comparação da sequência dos contigs correspondentes com sequências depositadas no GenBank utilizando BLAST. Para a genotipagem foram utilizados 30 indivíduos. Do sequenciamento obteve-se 337.697.189 pb distribuídos em 22.459 contigs após a montagem e trimagem. Foram identificados 17.115 loci di e tri-nucleotídeos, destes 84,7 % foram di-nucleotídeos. 15 marcadores validados *in silico* passíveis de serem utilizados como marcadores SSR foram validados em bancada. Seis desses marcadores não geraram produtos de PCR compatíveis e nove loci mostraram alto poder de discriminação de genótipos. Os parâmetros gerais de diversidade genética de *D. brevifolia* mostraram- se baixos ($H_e = 0,615$, $H_o = 0,214$) . Os marcadores microssatélite desenvolvidos neste estudo apresentaram moderado a alto número de alelos ($A = 4,5$). Também demonstraram alta capacidade de diferenciar corretamente indivíduos coletados ao acaso dentro de uma população, com baixa probabilidade de erro. Além disso, os marcadores demonstraram potencial para o estudo de fluxo gênico ao caracterizar coerentemente a relação entre os indivíduos provenientes das três diferentes demes estudadas.

Palavras-chave: *Bromeliaceae*; *Conservação*; *Sequenciamento de Nova Geração*.

Agradecimentos: PPGRGV, CNPq CAPES e FAPESC por financiarem este projeto maior.