

VALIDAÇÃO DE MARCADORES SSR-Seq PARA *Eugenia klotzschiana* O. BERG. (MYRTACEAE)

Sylluana Ribeiro Corrêa^{1,2}; Cíntia Pelegrineti Targueta²; Amanda Alves de Melo
Ximenes²; Mariana Pires de Campos Telles^{1,3}; Thannya Nascimento Soares¹

¹Universidade Federal de Goiás. ²Laboratório de Genética & Biodiversidade. ³Pontifícia Universidade Católica – GO. *sylluana_correa@discente.ufg.br

Eugenia klotzschiana O. Berg. (Myrtaceae) conhecida como pera-do-cerrado, está listada no grupo de plantas prioritárias para a pesquisa na publicação “Plantas para o Futuro da Região Centro-Oeste”. O fruto é consumido *in natura*, apresentando alto valor nutritivo. Para a caracterização dos recursos genéticos, os marcadores microssatélites são uma ferramenta importante, pois permite investigar a variabilidade genética populacional, auxiliando na conservação e uso sustentável. O objetivo deste estudo foi estabelecer um protocolo base para a genotipagem por sequenciamento de marcadores microssatélites e disponibilizar locos polimórficos e informativos para *E. klotzschiana*. Os pares de *primers* desenvolvidos em um estudo anterior foram testados em 37 indivíduos coletados no município de Senador Canedo-GO. Foram testados três esquemas de amplificação em sistemas de PCR multiplex: o teste 1 (T1) composto por 4 multiplex, sendo duas com cinco e duas com seis pares de *primers*; o teste 2 (T2) composto por duas multiplex com onze *primers* cada; o teste 3 (T3) com todos os *primers* em uma única multiplex. O produto amplificado foi sequenciado na plataforma Illumina MiSeq. A análise da qualidade das sequências foi realizada no FastQC e a chamada dos alelos utilizando o *pipeline* de Tibihika *et al.* 2019, que gerou uma matriz de genótipos baseados no comprimento do alelo. Para avaliar a chamada de alelos, erros de genotipagem, *man_check* (MC), ausência de amplificação (NA) e poucas *reads* (PR), foi realizada uma ANOVA de medidas repetidas entre os tratamentos. T1 e T2 foram mais similares na chamada de alelos (92,75%), enquanto o T3 apresentou baixa similaridade com T1 (61,7%) e T2 (56,5%). Os tratamentos T1 e T2 não apresentaram diferenças significativas para MC e NA, enquanto para PR a diferença foi significativa entre os três testes. O tratamento 1 se mostrou mais eficiente para chamar alelos com menores taxas de erros, o que sugere que os sistemas de PCR multiplex são mais eficientes com multiplex compostas por um número menor de pares de *primers*. Verificou-se 21 locos polimórficos e 1 monomórfico, com uma média de 2,9 alelos, variando de 1 a 5 alelos por loco. A heterozigosidade esperada média da população foi igual a 0,55, enquanto a observada (0,87), evidenciou uma população majoritariamente heterozigota. Este estudo validou o primeiro conjunto de *primers* espécie-específico para *E. klotzschiana*, disponibilizando locos com níveis adequados de polimorfismo e qualidade de sequências.

Palavras-chave: diversidade genética; GBS; pera do cerrado.

Agradecimentos: CAPES, INCT-EECBio (CNPq, proc. 465610/2014-5 e FAPEG proc. 201810267000023.