

## RAN0001 - SEQUENCIAMENTO DE NOVA GERAÇÃO PARA O DESENVOLVIMENTO DE MARCADORES MOLECULARES EM MELIPONA RUFIVENTRIS

**Autores:** Aline Barbosa Negreiros - 1º Autor (UNIVERSIDADE FEDERAL DO PIAUI); Fabia De Mello Pereira - Co-Autor (EMBRAPA MEIO-NORTE, TERESINA - PI); Diego Veras Wilke - Co-Autor (UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARA); Rodrigo Maggioni - Co-Autor (UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARA); Geice Ribeiro Da Silva - Co-Autor (UNIVERSIDADE FEDERAL DO PIAUI); Fabio Mendonca Diniz - Orientador (EMBRAPA CAPRINOS E OVINOS)

**Área:** Agropecuária **Tipo:** Pesquisa **Nível:** Pós-graduação **STA2:** Não

**Resumo:** A *Melipona rufiventris*, conhecida vulgarmente por urucu-amarela, é uma abelha típica do cerrado brasileiro, caracterizada pela ausência aparente do ferrão. De importância econômica e ecológica a espécie vem sofrendo um declínio populacional devido principalmente ao desmatamento e ao uso abusivo de agrotóxicos, levando a se enquadrar na lista vermelha de animais ameaçados de extinção. O conhecimento da diversidade genética e estrutura populacional nestas abelhas poderá auxiliar a elaboração de estratégias de manejo que contribuam efetivamente para a conservação desta espécie. O uso crescente de marcadores moleculares tem mostrado-se eficaz como ferramenta genética em estudos populacionais em abelhas. Dentre estes marcadores, os microssatélites, ou unidades de repetição de pares de bases do DNA, possuem o mais elevado conteúdo de informações de polimorfismo. Para esta espécie não existem marcadores microssatélites disponíveis na literatura. Dentre as inúmeras metodologias possíveis para o desenvolvimento de marcadores microssatélites o sequenciamento de nova geração (NGS) desponta como um método bastante promissor por abranger ampla cobertura do genoma, que garante a identificação de maior número de marcadores moleculares. Neste contexto, este estudo tem por objetivo realizar o sequenciamento e o isolamento de marcadores microssatélites a fim de auxiliar nos estudos populacionais da espécie *Melipona rufiventris*. Para esse fim, foi extraído aproximadamente 1 mg de tecido do tórax de abelhas operárias, utilizando o kit Extractme Genomic DNA. A construção da biblioteca genômica foi realizada a partir de 0,2 ng de DNA genômico, seguindo o protocolo padrão da Illumina Nextera DNA Kit. O sequenciamento do DNA foi realizado utilizando o sequenciador MiSeq (Illumina). Um total de 137.313 contigs, a partir de 54.555.929 reads, resultaram da utilização do programa de montagem CLC Genomics Workbench 7.0.4. Tamanho máximo e mínimos dos reads foram 200 e 13.505 bases, respectivamente. Os contigs tiveram tamanho médio de 397 bases. O programa Msatcommander 0.8.2 identificou loci microssatélites com 2-6 repetições em blocos em 9745 contigs. Em geral, os microssatélites apresentam uma grande abundância genômica nos eucariotos, sendo o polimorfismo de comprimento de pares de bases de DNA revelado pelo produto de amplificação das regiões microssatélites, via PCR (Polymerase Chain Reaction). Foram desenhados 50 pares de primers no programa WEBSAT. Estes estão sendo otimizados e validados, e posteriormente serão depositados no banco de dados do NCBI (GenBank).

**Keywords:** Diversidade genética; Uruçu-amarela, Illumina.