

## Identificação de microssatélites e síntese de primers para erva-mate a partir de programas de bioinformática

**Larissa Lührs**

Embrapa Florestas, Colombo, PR, larissa.luhrs@embrapa.colaborador.br

**Valderês Aparecida de Sousa**

Embrapa Florestas, Colombo, PR, valderes.sousa@embrapa.br

**Bruno César Rossini**

Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, SP, bruno.rossini@unesp.br

**Daiane Rigoni**

Embrapa Florestas, Colombo, PR, daiane.rigoni@embrapa.br

**Ananda Virginia de Aguiar**

Embrapa Florestas, Colombo, PR, ananda.aguiar@embrapa.br

A erva-mate (*Ilex paraguariensis* S. T. Hill) gera o produto florestal não madeireiro mais importante do agronegócio da região Sul do Brasil. A demanda internacional pela erva-mate vem aumentando, favorecendo o desenvolvimento da sua produção e competitividade. A caracterização genética é indispensável para o estabelecimento de estratégias de conservação e melhoramento genéticos para essa espécie. Atualmente, diferentes ferramentas genômicas estão disponíveis para desenvolvimento de marcadores moleculares, sendo os microssatélites, ou SSRs (sequências simples repetidas) uma das mais utilizadas no estudo genético de populações. Assim, o objetivo deste trabalho foi identificar e desenvolver microssatélites para erva-mate. O DNA de um indivíduo foi utilizado para realizar, a partir da plataforma Illumina-Miseq, um total de 12.933.970 leituras. Para a sua identificação, foram utilizados diferentes programas: PERF, SSR\_pipeline e Primer3Plus. Com o auxílio do PERF, foram analisadas as sequências (em arquivo fasta), totalizando 17.715 ocorrências repetidas para variados números de *motifs* repetidos. O SSR\_pipeline utilizou outros arquivos de entrada (fastq) com 12.933.970 leituras e identificou inúmeros SSRs. Assim, associando os resultados dos dois programas, pares de primers flanqueando os microssatélites foram desenhados no Primer3Plus para 18 marcadores. Alguns parâmetros especificados foram: tamanhos, temperaturas e porcentagem de GC (mínimos, ideais e máximos). Seis potenciais marcadores identificados serão validados para a confecção dos iniciadores para esta espécie. Essa ferramenta deverá ser aplicada para análises genéticas diversas, na caracterização genética de populações naturais e sintéticas e em bancos de germoplasma. Novos recursos de bioinformática poderão ser explorados para essa mesma finalidade.

Fonte de financiamento/apoio/agradecimentos: Embrapa Florestas e CNPq. A Marianne Bernardes, Técnica da Embrapa Florestas.