

Simpósio de Integração Acadêmica

“Ciências Básicas para o Desenvolvimento Sustentável”

SIA UFV 2023



DESENVOLVIMENTO DE MARCADORES MOLECULARES SSR PARA ESTUDOS DE DIVERSIDADE DE *Calonectria pteridis*

Josué Euclides Silva Teixeira^{1a}, Acelino Couto Alfenas^{1b}, Rafael Ferreira Alfenas^{1c}, Marcia Ferreira Queiroz^{1d}

¹ Departamento de Fitopatologia – Universidade Federal de Viçosa

^a josue.teixeira@ufv.br, ^b aalfenas@ufv.br, ^c rafael.alfenas@ufv.br, ^d marcia.queiroz@ufv.br

Microbiologia | Ciências Agrárias | Pesquisa

Introdução

Mancha de Calonectria



Figura 1. Mancha de *Calonectria pteridis* em eucalipto.

Controle da Doença

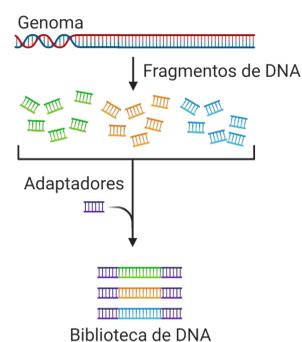
O plantio de genótipos resistentes é uma das estratégias mais eficazes para o controle da doença (Alfenas *et al.*, 2009), o que remete a necessidade do conhecimento da estrutura do genoma do patógeno, para prever a estabilidade da resistência, patogenicidade e diversidade genética (Fonseca *et al.*, 2010).

Objetivos

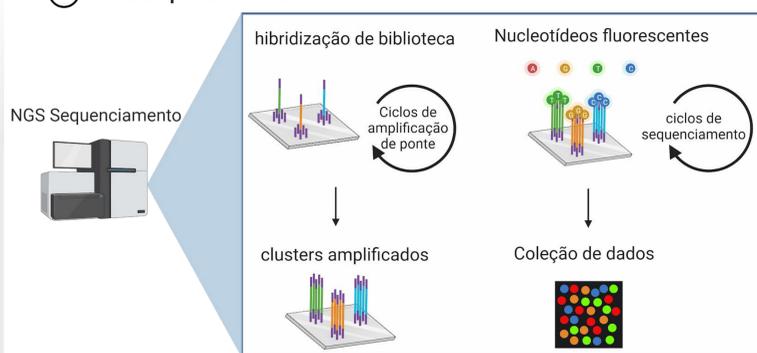
O presente trabalho teve como objetivo desenvolver marcadores microssatélites (SSR) a partir de dados genômicos em *C. pteridis* isolado LPF059.

Material e Método

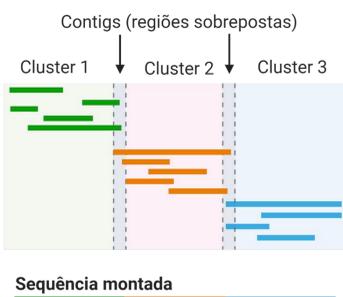
1 Preparação da Biblioteca



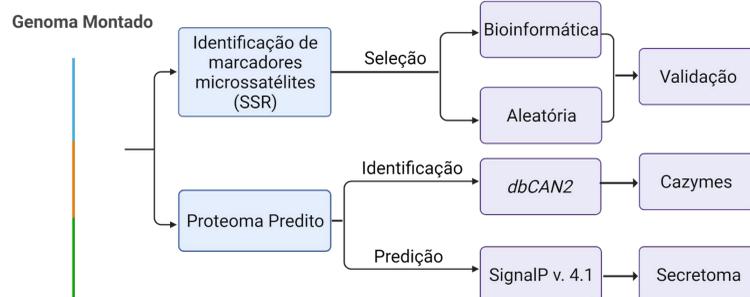
2 NGS sequenciamento



3 Alinhamento e análise de dados



4



Apoio financeiro



Resultados

Um total de 4.660 SSRs com motivos de repetição perfeitos foram identificados a partir da sequência genômica montada do isolado LPF059 de *C. pteridis*. Dos SSRs totais, os di-nucleotídeos e tri-nucleotídeos foram o tipo mais frequente de repetições.

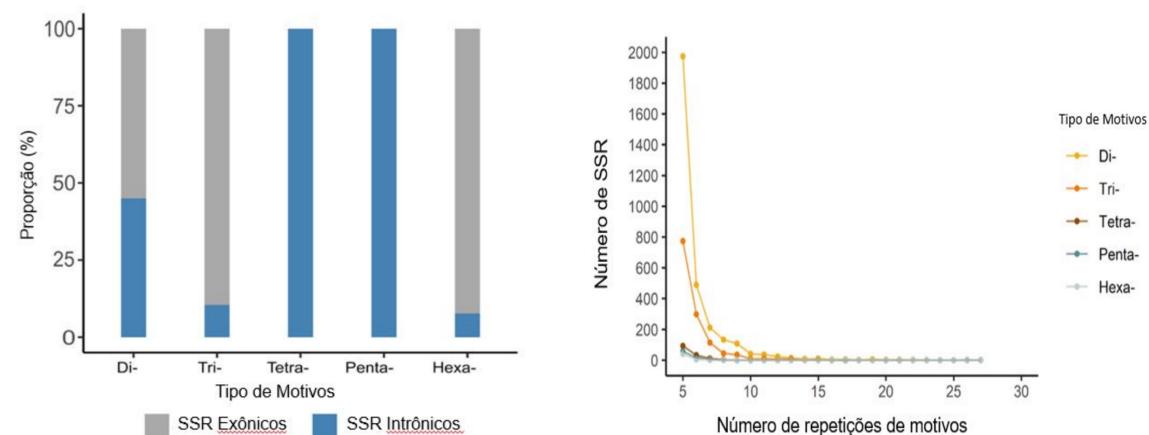


Figura 2. Proporção de motivos nas regiões intrônicas e exônicas.

Figura 3. Distribuição da frequência do número de repetições de motivo em cada classe.

Conclusões

Conforme resultados preliminares gerados até o momento, conclui-se que, os motivos majoritariamente encontrados no genoma são do tipo di-nucleotídeos, estando presente nas regiões intrônicas e exônicas do genoma.

Motivos do tipo tetra- e penta-nucleotídeos, encontram-se exclusivamente nas regiões intrônicas do genoma, o que sugere sua função condicionada a regulação da expressão gênica. Desta forma 150 primers foram sintetizados, sendo 104 de regiões gênicas baseados em bioinformática e 46 de regiões genômicas ≥ 24 pb selecionadas aleatoriamente.

Bibliografia

Alfenas, A.C. *et al.* Clonagem e doenças do eucalipto. 2a Ed. Editora UFV. Viçosa, MG. 500p. 2009.
Fonseca, S.M. *et al.* Manual prático de melhoramento genético do eucalipto. Viçosa, MG. Editora UFV, DFP. 2010.

Agradecimentos