Análise comparativa do genoma de cloroplasto de espécies selvagens e cultivares híbridos de cana-de-açúcar

Deise Ferreira Fernandes Paes, Filipe Mateoli, Thiago Motta Venâncio, Paulo Cavalcanti Gomes Ferreira, Clícia Grativol

A cana-de-açúcar(*Saccharum spp*.) pertence à família Poaceae e é muito utilizada devido ao seu potencial agronômico. Os cruzamentos entre as espécies selvagens*Saccharum spontaneum* e *Saccharum officinarum* no início do século 20 viabilizaram a geração dehíbridoscom a capacidade de acumular sacarose de *S. officinarum* e a resistência a estresses bióticos e abióticos de *S. spontaneum*. As características dos genomas de cloroplastos permitem a sua utilização como marcadores moleculares e evolutivospara a identificação da história delinhagens híbridas de plantas. Assim, o objetivo deste trabalho é realizar uma análise comparativa do genoma de organelas de espécies selvagens e cultivares híbridos de cana-de-açúcar. Para isso, foram utilizadas bibliotecas de sequenciamento previamente construídas a partir do DNA total extraído do tecido de folhas jovens de plantas maduras cultivadas em solo. O sequenciamento foi realizado no equipamento Illumina GAII. Dois parentais e cinco híbridos foram sequenciados: *S. officinarum* (82-72), *S. spontaneum* (SES205A) e,os cultivares RB72454, RB867515, B4362, Tambo FEPAGRO e Roxa. A qualidade dos *reads* foi analisada pelo programa FASTX Toolkit. Após a filtragem, os *reads* de cada genótipo foram alinhados com genomas de cloroplastos de espécies de plantas filogeneticamente relacionadas através de BLASTN. Os *reads* alinhados foram testados com Velvet Optimiser. O genoma de cloroplasto de *S. officinarum* foi montado com os programas SPADES e SSPACE, anotado com GeSeq - Annotation of Organellar Genomes e visualizado com OGDRAW, no qual revelou possuir quatro partes: LSC, SSC, IRa e IRb com um tamanho total 142,234 pb. Cloroplastos de cultivares de cana-de-açúcar como *Saccharum spp.* Q155, *Saccharumspp.* NCo 310, *Saccharum spp.* SP80-3280 e *Saccharum spp.* RB867515 mostraram uma perda de região duplicada com 1.031 pb no início da parte LSC de *S. officinarum*. Em comparação com os cloroplastos dessas cultivares, apenas *S. officinarum* tem uma inserção de 10 pb dentro do gene rpl23-F e duas cópias dos genes *orf137*, *trnT*, *orf74* e *rps19*. Com base nestes resultados, a análise comparativa de genomas de organelas pode ser uma ferramenta muito importante para decifrar e entender as linhagens de Saccharum híbridas.

Palavras-chave: Genoma, Cloroplasto, Cana-de-açúcar.
Instituição de fomento: CAPES, FAPERJ, UENF