

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

Deise Ferreira Fernandes Paes, Paulo Cavalcanti Gomes Ferreira, Clícia Grativol

O gênero *Saccharum* popularmente conhecido como cana-de-açúcar e pertencente à família Poaceae, vem sendo muito utilizado devido ao seu potencial agrônomo. Os cruzamentos entre as espécies *Saccharum spontaneum* e *Saccharum officinarum* no início do século 20 viabilizaram o desenvolvimento do comércio açucareiro no Brasil. Estes cruzamentos conferiram ao novo cultivar a capacidade de acumular sacarose herdada principalmente de *S. officinarum* e a resistência a estresses bióticos e abióticos herdada de *S. spontaneum*. Além do genoma nuclear, as plantas possuem genoma mitocondrial e de cloroplasto. Essas organelas podem fornecer uma ampla análise sobre relações filogenéticas entre espécies. A análise comparativa dos genomas de organelas pode ser uma ferramenta de grande importância para decifrar e compreender linhagens *Saccharum* híbridas. 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 e disponíveis sob acesso SRP026249 no banco de dados NCBI Sequence Read Archive. Dois parentais e dois híbridos foram utilizados, sendo: *S. officinarum* (82-72), *S. spontaneum* (SES205A) e RB72454 e RB867515, respectivamente. O sequenciamento foi previamente realizado no equipamento Illumina GAI, protocolo paired-end de 100 ciclos. A qualidade dos *reads* foi analisada pelo programa FASTX Toolkit (Hanon lab). Após a filtragem, sequências de genomas de cloroplastos e mitocôndrias de espécies de plantas próximas disponíveis no Genbank foram alinhadas através de BLASTN com os *reads* oriundos de cada genótipo de cana-de-açúcar. A porcentagem de *reads* alinhados em sequências de cloroplasto ficou entre 0,59% e 1,55%. Para mitocôndrias, a porcentagem de *reads* alinhados ficou entre 0,59% e 1,09% nos genótipos RB72454 e *S. officinarum*, respectivamente. Os *reads* alinhados foram separados e serão submetidos ao programa SOAPdenovo para montagem dos genomas organelares de parentais e híbridos. A obtenção do genoma de organelas possibilitará a comparação entre espécies selvagens e cultivares híbridos, sendo utilizado de forma inédita para se explorar a hibridização do gênero.

Palavras-chave: genoma, organelas, cana-de-açúcar.

Instituição de fomento: FAPERJ