

GENÔMICA FUNCIONAL DA MANGABEIRA (*Hancornia speciosa* GOMES)

Juliana Lopes Souza^{1*}; Valdinete Vieira Nunes²; Heloisa Oliveira dos Santos¹; Renata Silva-Mann²

¹Universidade Federal de Lavras. ²Universidade Federal de Sergipe.
*juliana_lopes_souza@live.com

A árvore frutífera mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes) é um importante recurso alimentar no nordeste brasileiro. Os frutos dessa planta, conhecidos como mangaba, são comercializados *in natura* ou como polpa de fruta e sorvetes. Essa espécie apresenta alto potencial comercial e biotecnológico devido às suas propriedades medicinais e nutricionais, tornando-a uma das espécies prioritárias para pesquisa na região. Apesar do seu uso comercial, a mangabeira continua sendo explorada de forma extrativista – pela Comunidade Tradicional Catadoras de Mangaba – sem um programa de melhoramento genético. Portanto, o objetivo deste trabalho foi avaliar a genômica funcional de sequências de *H. speciosa* por meio da anotação de genes para contribuir para futuros programas de melhoramento. Sequências genéticas da espécie foram obtidas em formato FASTA no banco de dados do projeto Tree of Life (Kew Gardens) e analisadas usando Blastp. O programa Blast2GO foi usado para a identificação dos processos biológicos e rotas metabólicas de acordo com a base KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes). Para a visualização dos termos de ontologia genética (Gene Ontology Terms) foi usado o pacote *rrvgo* da plataforma Bioconductor usando-se a linguagem R. Os resultados da anotação das sequências indicaram genes relacionados a componentes celulares estruturais e rotas metabólicas de compostos orgânicos, aromáticos e nitrogênio. As principais categorias estavam relacionadas a atividade catalítica, seguida pela ligação de compostos cíclicos orgânicos e o metabolismo de compostos heterocíclicos. Entre os compostos bioativos de interesse metabolizados por *H. speciosa*, estão carotenoides, vitaminas antioxidantes e flavonóis com aplicação medicinal, como a rutina, estabelecendo essa espécie como um potencial alimento funcional. Estudos de genômica funcional visando o melhoramento da espécie alinhando produtividade a características nutricionais, vai ao encontro dos Objetivos do Desenvolvimento Sustentável, sobretudo do ODS 2: Fome Zero e Agricultura Sustentável e precisam ser apoiados.

Palavras-chave: frutífera; BLAST; Gene Ontology.