

MONTAGEM E ANOTAÇÃO DO GENOMA CLOROPLASTIDIAL DE *SYAGRUS OLERACEA*

Wagner Nunes Ribeiro^{1,2}; Adriana Maria Antunes Taquary¹; Ramilla dos Santos Braga Ferreira²; Cíntia Pelegrineti Targueta¹; Mariana Pires de Campos Telles¹; Lázaro José Chaves^{1,2}; Thannya Nascimento Soares^{1,2}

¹Laboratório de Genética & Biodiversidade, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Goiás - UFG. ²Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, UFG. ³Universidade Federal de Rondonópolis. *E-mail do autor apresentador: wagner2@discente.ufg.br

A palmeira *Syagrus oleracea*, conhecida como “guariroba” ou “gueroba”, é uma espécie nativa do Cerrado Brasileiro e pertence à família Arecaceae. O potencial alimentar da guariroba está principalmente em seus frutos e palmito, que é amargo e apreciado na culinária regional, tanto fresco quanto em conserva. Além disso, a espécie é utilizada na alimentação animal, construção rural, ornamentação e medicina, com propriedades em suas flores, brotos e raízes, o que torna a guariroba um recurso genético valioso. A análise da estrutura e função do genoma cloroplastidial auxilia na identificação dos padrões de organização genômica em plantas incluindo a identificação de genes conservados ao longo do tempo, rearranjos genômicos e sequências repetidas. Esses elementos proporcionam *insights* sobre a evolução e a diversidade vegetal. O objetivo deste trabalho foi montar e caracterizar o genoma cloroplastidial de *S. oleracea* a fim de fornecer uma base de dados que possa ser utilizada em futuros estudos evolutivos sobre a espécie. O genoma completo da espécie foi sequenciado na plataforma Illumina NextSeq 1000 e, após passar pelo filtro de controle de qualidade, os *reads* organelares, cloroplastidiais e mitocondriais, foram separados dos *reads* nucleares através do *software* Bowtie2. O genoma cloroplastidial foi montado pela abordagem *de novo*, no *software* GetOrganelle v.1.7.7.0. A anotação foi realizada com o auxílio dos programas GeSeq e CPGAVAS2. Para encontrar as repetições maiores, foi utilizado o REPuter e para as regiões microssatélites, o MISA v.2.1. O genoma cloroplastidial da guariroba possui 155.090 pb, com estrutura quadripartida, com uma região de cópia única grande (LSC) de 84.620 pb, uma região de cópia única pequena (SSC) de 17.446 pb e duas regiões de repetição invertida (IRb e IRa) de 26.512 pb cada. O conteúdo total de GC foi de 37,46%. A anotação revelou um total de 133 genes, sendo 85 genes codantes (CDS), 38 tRNAs e 8 rRNAs. Foram encontradas 50 repetições grandes, variando de 31 a 26.512 pb, nos quais 24 são palindrômicas (48%), 16 diretas (32%) e 10 (20%) reversas. Foram identificadas 67 regiões microssatélites, sendo 53 mononucleotídicas (79,10%), 12 dinucleotídicas (17,91%) e dois hexanucleotídicas (2,99%). Estes resultados são semelhantes aos dos demais plastomas da família Arecaceae já disponibilizados. A caracterização do plastoma de *S. oleracea* será fundamental para pesquisas futuras, pois oferece informações detalhadas sobre sua estrutura e organização, contribuindo para a compreensão da evolução e diversidade dessa espécie. Além disso, esses dados são essenciais para a identificação de marcadores moleculares, que podem ser aplicados em estudos filogenéticos, biotecnologia e conservação.

Palavras-chave: Biodiversidade; genômica, Guariroba, cpDNA

Agradecimentos: Ao apoio financeiro da FAPEG (CP: 09/2022 – Proc. No: 202310267000550), à CAPES pela concessão da bolsa de pós-graduação, Ao Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia em Ecologia, Evolução e Conservação da Biodiversidade (INCT – EECBio), no contexto do grupo de trabalho de Genética e Genômica Evolutiva, subsidiado pelo CNPq (proc. 465610/20145) e FAPEG (proc. 201810267000023)