

SEQUENCIAMENTO E MONTAGEM DO GENOMA DA JABUTICABA-DE-CABINHO (*Plinia trunciflora* (O. BERG) KAUSEL)

Ingrid Lohani Degering Brand^{1*}; Ana Kelly de Sousa Silva¹; Yohan Fritsche¹;
Gustavo Pitta Reis de Azevedo¹; Suelen Martinez Guterres¹; Dalvan Carlos Beise¹;
Liana Bulcão Bittencourt Petrarca¹; Américo Wagner Júnior²; Idemir Citadin²; Valdir
Marcos Stefenon¹

¹PPG Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Federal de Santa Catarina. ²Universidade Tecnológica Federal do Paraná. *E-mail do autor apresentador: ingrid.brand@hotmail.com.

A jabuticaba-de-cabinho (*Plinia trunciflora* (O. Berg) Kausel) é uma fruta nativa amplamente valorizada no Brasil, reconhecida por seu sabor único e propriedades medicinais, como ações antioxidante, anti-inflamatória e citoprotetora. No entanto, ainda são escassos os estudos genéticos sobre essa planta, especialmente no que diz respeito ao sequenciamento de seu genoma, que pode abrir caminho para a identificação de genes relevantes, além de contribuir para o melhoramento e a preservação desse recurso genético nativo. Neste contexto, este estudo teve como objetivo realizar o sequenciamento do genoma completo da jabuticaba-de-cabinho, fornecendo uma base para análises genéticas e identificação de vias metabólicas com aplicações agrônômicas, nutraceuticas e biotecnológicas. O DNA foi extraído de folhas jovens de um único indivíduo e sequenciado com a plataforma Oxford Nanopore Mk1B, utilizando quatro corridas para garantir ampla cobertura. As montagens foram feitas com os programas Canu e Flye, e posteriormente combinada em uma única com o software Quickmerge. O software Redundans foi empregado para reduzir a heterozigosidade e redundâncias. A qualidade da montagem foi avaliada com Quast, e a completude foi verificada com BUSCO. O sequenciamento gerou 22 Gigabases e 11 milhões de reads, resultando em 1.553 contigs, N50 de 1.014.751, conteúdo GC de 40,78% e cobertura média de 83x. A análise de completude com BUSCO revelou 93,8% de genes completos – sendo 83,5% de cópia única e 10,3% duplicados –, bem como 1,1% dos genes fragmentados e 5,1% ausentes. Os resultados indicam que a montagem do genoma da jabuticaba-de-cabinho com o Quickmerge é de alta qualidade levando em consideração a quantidade baixa de contigs, conteúdo GC de acordo com o esperado para plantas e profundidade média de cobertura robusta; bem como de boa completude e baixa fragmentação, levando em conta a grande quantidade de BUSCOs completos. As próximas etapas incluirão a limpeza do sequenciamento, anotação gênica e caracterização de rotas metabólicas, contribuindo para a compreensão genética dessa espécie nativa e potencializando seu uso em aplicações nutraceuticas, biotecnológicas e agrônômicas, além de promover sua conservação através do uso.

Palavras-chave: Jabuticabeira; Myrtaceae; NGS.

Agradecimentos: CAPES, CNPq, UFSC, PPGRGV, UTFPR.