

SEQUENCIAMENTO E MONTAGEM DO GENOMA TOTAL DE *Plinia cauliflora* (DC.) BERG.

Ana Kelly de Sousa Silva¹; Ingrid Lohani Degering Brand¹; Yohan Fritsche¹;
Dalvan Carlos Beise¹; Suelen Martinez Guterres¹; Gustavo Pitta Reis de
Azevedo¹; Thiago Sanches Ornellas¹; Moisés Andriago Danner²; Joel Danazzolo²;
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.

Plinia cauliflora, pertencente à família Myrtaceae, é uma das espécies integrantes do grupo popularmente conhecido como jabuticabas. Endêmica das regiões sul e sudeste do Brasil, esta espécie habita as formações florestais da Mata Atlântica, onde enfrenta desafios impostos pela expansão de áreas antropizadas e pelas mudanças climáticas. *Plinia cauliflora* possui um significativo potencial nutracêutico, caracterizado por compostos secundários como flavonoides, que demonstram atividades antioxidantes, anti-inflamatórias e citoprotetoras, com potencial para combater diversas doenças. Apesar de seu valor como fruta in natura e em subprodutos, e de seus reconhecidos ativos medicinais, a compreensão genética de *Plinia cauliflora* ainda é pouco explorada. Este estudo visou sequenciar e montar o genoma total de *Plinia cauliflora* para aprofundar o conhecimento sobre a genética estrutural da espécie. O DNA de um indivíduo adulto foi isolado utilizando o método CTAB, e o sequenciamento foi realizado com a plataforma Nanopore Mk1B. A montagem do genoma foi conduzida com o montador Flye, enquanto a qualidade da montagem foi avaliada pelo software Quast e a completude do genoma foi verificada com a ferramenta Benchmarking Universal Single-Copy Orthologs (BUSCO). Os resultados do sequenciamento mostraram alta qualidade e cobertura, com um total de 540.906.386 pares de bases, mais de 27 mil contigs, um N50 de 68.156 e um conteúdo GC de 39%, parâmetros semelhantes aos encontrados em outras espécies da família Myrtaceae. A análise de completude revelou a presença de 97,8% de BUSCOs completos e apenas 0,7% de BUSCOs ausentes, indicando uma boa cobertura do genoma. Este genoma pode servir como referência para futuros estudos sobre *Plinia cauliflora* e outras espécies da família Myrtaceae. Os resultados obtidos são de significativa importância para a compreensão da genômica de *Plinia cauliflora* e fornecerão uma base sólida para análises detalhadas dos genes e das rotas metabólicas desta espécie. Estes dados contribuirão para um aprofundamento no conhecimento das propriedades medicinais e cosméticas da planta, além de oferecer subsídios para estudos voltados ao melhoramento genético. A implementação dessas descobertas permitirá avanços na investigação científica e na aplicação prática de *Plinia cauliflora* em contextos nutracêuticos e agrônômicos.

Palavras-chave: Myrtaceae; NSG; Biotecnologia.

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