

METATRASCRIPTOMA DE BAIXA COBERTURA EM FOLHAS REVELA MICRORGANISMOS PATOGENICOS ASSOCIADOS AO PEQUIZEIRO *Caryocar brasiliense* Camb. (Caryocaraceae)

Larissa R. Carvalho^{1,2}; Cintia P. Targueta²; Amanda A. Chaibub⁴; Mariana P. C. Telles^{2,3*}; Rhewter Nunes^{1,2}

¹ Instituto Acadêmico de Ciências da Saúde e Biológicas (IACSB), Universidade Estadual de Goiás (UEG) - Campus Oeste - UnU de Iporá.

² Instituto de Ciências Biológicas (ICB), Universidade Federal de Goiás (UFG).

³ Escola de Ciências Médicas e da Vida, Pontifícia Universidade Católica de

Goiás. ⁴ Instituto Federal Goiano - Campus Iporá. *tellesmpc@ufg.br

O uso de dados de sequenciamento de alto rendimento de RNA (RNA-Seq) melhora a capacidade de identificação de agentes patogênicos em plantas. Esta identificação é importante para o comércio e distribuição de plantas, impactando na conservação das espécies. *Caryocar brasiliense* (Pequi), ocorre no Cerrado e é uma das espécies prioritárias para promover cultivo e exploração econômica no Centro-Oeste, definidos pelo Ministério do Meio Ambiente. Assim, o objetivo do trabalho foi identificar microrganismos em amostras da folha de *C. brasiliense*. Foi utilizado material foliar de um indivíduo coletado em Goiânia – GO, o RNA foi extraído com o *PureLink Plant RNA Reagent* e a biblioteca construída utilizando o kit *TruSeq Stranded Total RNA Library Preparation with Ribo Zero Plant*. O sequenciamento foi realizado na plataforma Illumina NextSeq 1000. Os dados foram classificados com o software Kraken2, utilizando o banco de dados de nucleotídeos não redundantes do *National Center for Biotechnology Information* (NCBI nt), e com o software Kaiju, utilizando o banco de dados *nr_euk*, que inclui dados de proteínas não redundantes do NCBI (NCBI nr) com adição de sequências de proteínas de outros microrganismos. A classificação com Kraken2 identificou 15 patógenos, 14 virais e um bacteriano. Os três com maior número de *reads* foram *Tomato necrotic streak virus* (38194), *Rose ilarvirus 2* (19556) e *Rose ilarvirus 1* (11059). Já a classificação com o Kaiju, identificou 38 patógenos, sendo 27 vírus, cinco fungos e cinco oomicetes. Os três com maior número de *reads* foram *Tomato necrotic streak virus* (126817), *Rose ilarvirus 2* (40875) e *Citrus leaf rugose virus* (37126). Dos patógenos identificados, dez foram classificados por ambos os softwares, todos vírus, sendo os três com maior número de *reads*, *Tomato necrotic streak virus*, *Rose ilarvirus 2* e *Rosa ilarvirus-1*. Os dados gerados incrementam os recursos genômicos e o conhecimento sobre microrganismos associados à *C. brasiliense*.

Palavras-chave: Fitopatologia; Pequi; RNA-Seq.

Agradecimentos: PPBio Araguaia (CNPq - Processo: 441114/2023-7), Araguaia Vivo 2030 (TWRA/FAPEG Processo: 202210267000536), INCT - EECBio, MCTIC/CNPq (processo #465610/2014-5), FAPEG. PPGS CAPES/FAPEG (Chamada Pública #08/2014) e CNPq (Chamada MCTIC/CNPq #28/2018, processo 435477/2018-8).