

SEQUENCIAMENTO, MONTAGEM E CARACTERIZAÇÃO DE ELEMENTOS REPETITIVOS EM *Feijoa sellowiana* O. Berg

Suelen Martinez Guterres¹; Danielle da Silva¹; Dalvan Carlos Baise¹; Liana Bittencourt Petrarca¹; Yohan Fritsche¹; Alex Sandro Poltronieri¹; João Cristiano Arioli²; Joel Donazzolo³; Rubens Onofre Nodari¹; Valdir Marcos Stefenon¹

¹Universidade Federal de Santa Catarina - UFSC.

²Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina - EPAGRI. ³Universidade Federal Tecnológica do Paraná - UFTPR.

*dsdanielledasilva@gmail.com

A goiabeira-serrana [*Feijoa sellowiana* (O. Berg) Burret] é uma espécie frutífera nativa do Brasil e Uruguai pertencente à família Myrtaceae. Apesar de nativa do sul do Brasil e do Uruguai, não é tão explorada e conhecida como em outros países. O projeto “Plantas para o Futuro”, do Ministério do Meio Ambiente aponta a necessidade de se investir em pesquisa científica para a espécie. Pensando nisso, estudos utilizando sequenciamento de nova geração pode vir a potencializar seu uso. Temos como objetivo: sequenciar, montar e caracterizar os elementos repetitivos do o genoma nuclear da goiabeira- serrana. O DNA total para sequenciamento foi extraído utilizando CTAB 2%, o genoma foi sequenciado na plataforma de sequenciamento minION. O *Basecalling*, e a retirada dos adaptadores foram feitas pelas software *Guppy*, a montagem do genoma pelo software *Flye*, utilizando como *imput* as *reads* corrigidas pelo software Canu, ambos conhecidos por serem montadores de *long reads*. Após, foi realizado uma etapa de polimento da montagem pelo software medaka, sendo obtido 916 *contigs* e 98,7% de completude do genoma. Para a caracterização dos elementos repetitivos, foi utilizado o software RepeatMasker, onde foi carregado uma biblioteca de regiões repetitivas obtidas do RepBase, das seguintes espécies: *Eucalyptus grandis*, *Eucalyptus melliodora*, *Eucalyptus pauciflora*, *Psidium guajava*, *Syzygium obosum*. A partir do mascaramento de sequências do genoma, obtivemos 42.98% do genoma relacionado a regiões repetidas e de baixa complexidade. Desses, 17.27% correspondem a retroelementos, sendo a categoria LINEs correspondente a 1.28% e os retroelementos de repetições terminais longas (LTR) correspondente a 15.87%. Dentre os elementos LTR mais abundantes com 8.61% foi a categoria Ty1/Copia seguida pela categoria Gypsy/DIRS1 com 6.09%. Foram observadas regiões de repetições simples (0.82%), transposons de DNA (10.23%) e regiões não classificadas, que não pertencem a qualquer uma das famílias de repetições anotadas (13.38%). Concluímos que a partir do sequenciamento realizado foi possível identificar os principais elementos repetitivos encontrados no genoma nuclear de *Feijoa sellowiana*, sendo esses importantes para avaliações de evoluções genômicas, estudos filogenéticos e identificação de marcadores moleculares.

Palavras-chave: Goiabeira-Serrana, NGS, Genoma.

Agradecimentos: CAPES, CNPq, UNIEDU/FUMDES e EPAGRI.