

O SEQUENCIAMENTO DO GENOMA TOTAL DE *SERENDIPITA RESTINGAE* (SEBACINALES – AGARICOMYCETES): UM FUNGO MICORRÍZICO COM UMA AMPLA GAMA DE HOSPEDEIROS

Yohan Fritsche¹; Danielle da Silva¹; Thiago S. Ornellas¹; Gabriel M.

Girardello¹; Gustavo P. R. de Azevedo¹; Valdir M. Stefenon¹

¹ Núcleo de Biotecnologia Aplicada (NBA), Laboratório de Fisiologia do Desenvolvimento e Genética Vegetal (LFDGV), Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), Florianópolis, Santa Catarina. *dsdanielledasilva@gmail.com

As micorrizas, associações simbióticas entre raízes de plantas e fungos, desempenham papéis essenciais na sustentabilidade de ecossistemas e agricultura, promovendo a estabilidade do solo, a ciclagem de nutrientes e a resistência das plantas a estresses. Em particular, a família Serendipitaceae inclui espécies com potencial biotecnológico, como *Serendipita indica* e *Serendipita vermifera*, reconhecidas por melhorarem a produtividade e resistência das plantas. No Brasil, as pesquisas com Sebacinales nativas avançam, buscando desenvolver inoculantes adaptados ao ambiente local. Recentemente, uma nova espécie de *Serendipita* foi descrita no sul do Brasil, demonstrando potencial para uso em biotecnologia agrícola. Neste estudo, focamos no sequenciamento e análise genômica de *Serendipita restingae*, uma espécie micorrízica isolada de protocormos de *Epidendrum fulgens* (Orchidaceae) no sul do Brasil. Utilizamos diferentes softwares de montagem genômica, sendo o Canu o mais eficaz, gerando *assemblies* mais completos, com *contigs* maiores e menos bolhas, em comparação a softwares como Raven e Redbean. O genoma montado alcançou 96% de BUSCO completos (Basidiomycota), com 39 *contigs*, incluindo o genoma mitocondrial, confirmando estimativas anteriores de citometria de fluxo, que apontavam um tamanho de 36,1 Mb. A análise dos dados mostrou que *S. restingae* é haploide e possui micélio dicariótico. A anotação gênica revelou uma predominância de genes envolvidos em processos celulares e metabólicos, como integração de DNA e transporte celular. Entre os genes relacionados a respostas a estímulos, encontramos genes responsáveis pela transcrição de Heat Shock Proteins (proteínas de choque térmico), associadas à capacidade de resposta a estresses ambientais, o que destaca o potencial da espécie em ambientes adversos. Este trabalho reforça o potencial biotecnológico desses fungos para a agricultura brasileira, abrindo caminho para o desenvolvimento de tecnologias que aumentem a produtividade e a resiliência das culturas agrícolas frente a estresses bióticos e abióticos. Esses resultados não apenas ampliam o conhecimento sobre a biodiversidade micorrízica no Brasil, mas também fornecem uma base sólida para futuras pesquisas genômicas e biotecnológicas com fungos do gênero *Serendipita*.

Palavras-chave: Nanopore; micorriza; biotecnologia agrícola

Agradecimentos: Os autores agradecem ao CNPq (385489/2023-4 e 151703/2022-1) pelo financiamento da pesquisa, UNIEDU/FUMDES, FAPESC e CAPES.