

# Simpósio de Integração Acadêmica

Inteligência Artificial: A Nova Fronteira da Ciência Brasileira  
SIA UFV Virtual 2020



## Sequenciamento e análise dos plastomas das espécies *Pereskia aculeata* Miller, *Brasiliopuntia brasiliensis* (Willd.) A. Berger e *Melocactus glaucescens* Buining & Brederoo para estudos genéticos e evolutivos da família Cactaceae.

Universidade Federal de Viçosa (UFV)

José Daniel de Oliveira<sup>1</sup> (jose.daniel@ufv.br), Marcelo Rogalski<sup>1</sup> (Orientador) (rogalski@ufv.br), Kleiton Lima de Godoy Machado<sup>1</sup> (kleitonlgmachado@gmail.com), Maria Carolina Silva<sup>1</sup> (maria.c.carolina@ufv.br), Túlio Gomes Pacheco<sup>1</sup> (pachecotulio@gmail.com), Amanda de Santana Lopes<sup>1</sup> (amanda.santanalopes@gmail.com)

<sup>1</sup> Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Biologia Vegetal, Viçosa-MG, Brasil.

Trabalho de pesquisa em Biologia Vegetal, Ciências Biológicas e da Saúde

Palavras chave: Evolução plastidial, Família Cactaceae, Fisiologia molecular, herança citoplasmática

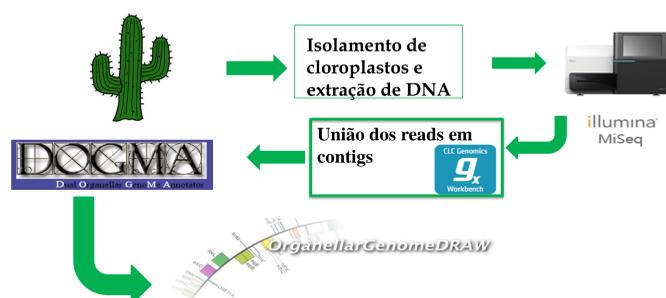
### Introdução

*Pereskia aculeata*, *Brasiliopuntia brasiliensis* e *Melocactus glaucescens*, são espécies nativas do Brasil pertencentes a família Cactaceae. Apesar de ser uma família rica em espécies e de apresentarem características morfológicas e fisiológicas únicas, carece de estudos genéticos e evolutivos. Assim, sequenciamos, analisamos e caracterizamos em detalhe os plastomas das espécies *Pereskia aculeata*, *Brasiliopuntia brasiliensis* e *Melocactus glaucescens* usando a tecnologia de sequenciamento Illumina e ferramentas de bioinformática.

### Objetivos

- Isolamento de cloroplastos e extração do DNA plastidial;
- Sequenciamento do DNA plastidial utilizando a plataforma Illumina MiSeq;
- Montagem dos plastomas e análise de sua estrutura;
- Anotação de genes utilizando o programa DOGMA;
- Desenho de mapas físicos dos plastomas utilizando o programa OGDRAW 1.2;
- Anotação dos genes e pseudogenes presentes, descrever as perdas gênicas e submeter as sequências genômicas devidamente anotadas ao banco de dados de genomas do NCBI onde ficaram disponíveis para que o nosso e outros grupos de pesquisa realizem diversas análises.

### Material e Métodos



### Resultados e Discussão



- Grande diferença de tamanho entre os três plastomas;
- Perda dos onze genes *ndhs* e *rpl23* em *Melocactus glaucescens*;
- Perda dos genes *ycf1*, *ycf2* e *rpl20* em *Brasiliopuntia brasiliensis*;
- Plastoma com número conservado de genes em *Pereskia aculeata* se comparado com a maioria das angiospermas;
- Múltiplas inversões e vários rearranjos nas sequências dos plastomas das três espécies;
- Rearranjos, inversões e perdas gênicas são características comuns na família e também ocorrem de maneira específica em cada espécie/gênero/subfamília, mostrando a importância de dados genômicos para diferentes espécies. A diversidade de características observadas através de dados genômicos mostra que a evolução do plastoma em Cactaceae ocorre raramente em angiospermas.

### Conclusões

As sequências completas dos plastomas de *Pereskia aculeata*, *Brasiliopuntia brasiliensis* e *Melocactus glaucescens* fornecem novos dados plastidiais da família Cactaceae para uso em diversos estudos relacionados à genética, evolução, fisiologia, filogenia e transferência de material genético entre os três compartimentos celulares.

### Bibliografia

- Lohse, M., Drechsel, O., Kahlau, S., Bock, R. (2013). OrganellarGenomeDRAW—a suite of tools for generating physical maps of plastid and mitochondrial genomes and visualizing expression data sets. *Nucleic Acids Res.* 41, W575–W581.
- Rogalski, M., Vieira, L. do N., Fraga, H.P., Guerra, M.P. (2015). Plastid genomics in horticultural species: importance and applications for plant population genetics, evolution, and biotechnology. *Front. Plant Sci.* 6.
- Vieira, L. do N., Faoro, H., Fraga, H.P. de F., Rogalski, M., de Souza, E.M., de Oliveira Pedrosa, F., Nodari, R.O., Guerra, M.P. (2014a). An Improved Protocol for Intact Chloroplasts and cpDNA Isolation in Conifers. *PLoS ONE* 9, e84792.
- Wyman, S.K., Jansen, R.K., Boore, J.L. (2004). Automatic annotation of organellar genomes with DOGMA. *Bioinformatics* 20, 3252–3255.

### Apoio Financeiro



### Agradecimentos

Muito obrigado ao Departamento de Biologia Vegetal, ao CNPq pelos financiamentos e a todos que de alguma forma contribuíram para que este trabalho fosse realizado.