

Simpósio de Integração Acadêmica

“Bicentenário da Independência: 200 anos de ciência, tecnologia e inovação no Brasil e 96 anos de contribuição da UFV”

SIA UFV 2022



SEQUENCIAMENTO, MONTAGEM E ANOTAÇÃO DO GENOMA COMPLETO DE *Calonectria pteridis*, AGENTE CAUSAL DA MANCHA-DE-CALONECTRIA

Josué Euclides Silva Teixeira^{1a}, Acelino Couto Alfenas^{1b}, Rafael Ferreira Alfenas^{1c}, Marcia Ferreira Queiroz^{1d}, Fernando Montezano Fernandes^{1e}

¹ Departamento de Fitopatologia – Universidade Federal de Viçosa

^a josue.teixeira@ufv.br, ^b aalfenas@ufv.br, ^c rafael.alfenas@ufv.br, ^d marcia.queiroz@ufv.br, ^e fernando.montezano@ufv.br

Mancha-de-Calonectria, genômica, scaffold

Microbiologia | Ciências Agrárias | Pesquisa

Introdução

Calonectria pteridis é um importante patógeno em plantações de eucalipto no Brasil ocasionando a mancha-de-calonectria, uma doença foliar devastadora, principalmente em regiões mais quentes e úmidas (Alfenas *et al.*, 2015).

A doença é caracterizada por pequenas manchas foliares arredondadas ou alongadas, de coloração cinza clara progredindo para marrom clara, as quais podem coalescer e cobrir grande parte do limbo foliar, levando a desfolha severa (Alfenas *et al.*, 2009).

Considerando o potencial impacto econômico desse patógeno e a ausência de informações genômicas, faz necessário o sequenciamento do genoma completo de *C. pteridis*, o que possibilitará o conhecimento da estrutura genética do patógeno.

Objetivos

O presente trabalho teve como objetivo sequenciar, montar e caracterizar o genoma de *C. pteridis*.

Material e Métodos



Mancha-de-Calonectria
C. Pteridis em eucalipto
Fonte: Imagem do autor



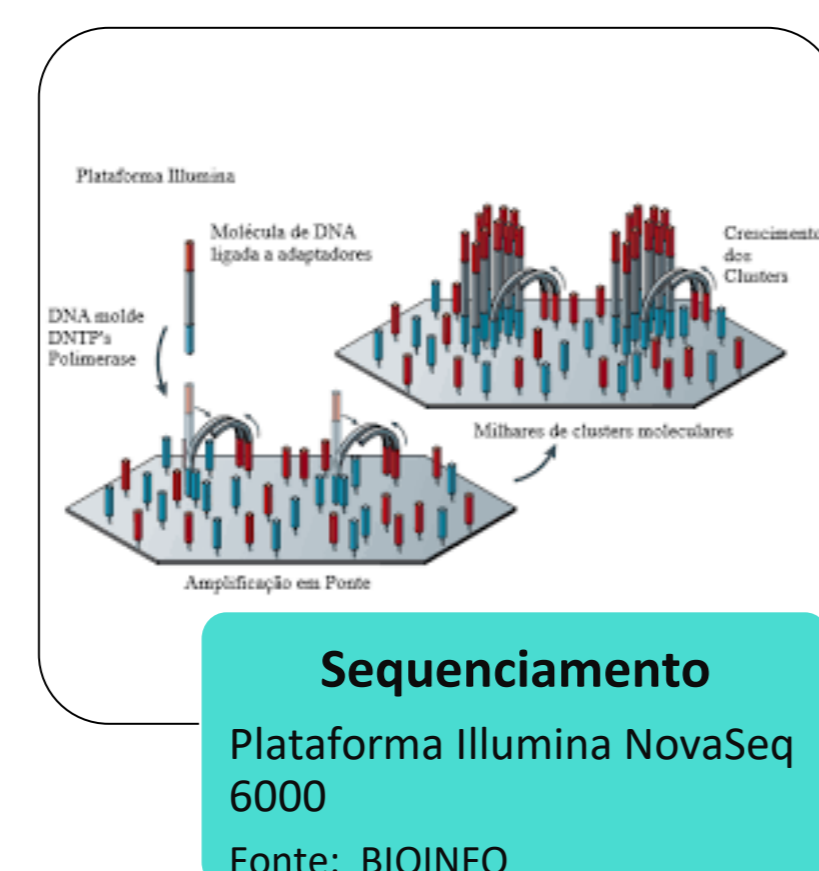
Isolado LPF059
Crescimento do fungo em meio batata-dextrose-ágar (BDA)



Estrutura Típicas de *C. pteridis*
Fonte: (Alfenas *et al.*, 2015)



Montagem e Anotação do Genoma
Fonte: SPAdes



Sequenciamento
Plataforma Illumina NovaSeq 6000
Fonte: BIOINFO



Extração de DNA
DNeasy Plant Mini Kit
Fonte: QIAGEN

Resultados e Discussão

Tabela 1 . Estatísticas da montagem e anotação do genoma de *Calonectria pteridis*, isolado LPF059

Montagem do Genoma	
Tamanho estimado do genoma ^a (pb)	56.565.321 - 56.655.434
Tamanho total da montagem (pb)	58.373.473
Número de scaffolds	1.167
Maior scaffolds (pb)	1.316.024
N50 ^b (pb)	322.939
Conteúdo GC de todo o genoma (%)	50,21
Número de genes preditos	17.812
Sequências codificadoras de DNA	17.388
Número de RNAs ribossômicos (rRNAs)	78
Número de RNAs transportador (tRNAs)	346
Conteúdo repetitivo (%)	5,93
Análise de Completude de BUSCO (%)	
Cópia única	96,50
Genes duplicados	3,30

^a Estimativa com base nas distribuições de frequência de k-mers de 17-, 21- e 25-mers.

^b N50 é definido como o comprimento da sequência do scaffold mais curto em 50% do comprimento total do genoma.

Conclusões

Este trabalho fornece uma base para estudos futuros em estrutura genética populacional, genômica comparativa e transcriptômica que poderá contribuir para o desenvolvimento de estratégias de manejo inovadoras e eficazes da mancha-de-calonectria em plantios comerciais de eucalipto.

Bibliografia

- Alfenas, R.F.; Lombard, L.; Pereira, O.L.; Alfenas, A.C.; Crous, P.W. 2015. Diversity and potential impact of *Calonectria* species in Eucalyptus plantations in Brazil. *Stud Mycol* 80:89–130.
- Alfenas, A.C. *et al.* **Clonagem e doenças do eucalipto**. 2ª Ed. Editora UFV. Viçosa, MG. 500p. 2009.

Apoio Financeiro e Agradecimentos

