

SEQUENCIAMENTO GENÔMICO DE CAPIM-ANNONI

Fabiane Pinto Lamego¹; Fernanda Cassiane Caratti²; Nilda Roma-Burgos³; Elsa Kuhn Klumb⁴; Robert Domingues⁵; Felipe Rodrigues da Silva⁶

¹Embrapa Pecuária Sul. fabiane.lamego@embrapa.br; ²Universidade Federal de Pelotas; ³University of Arkansas; ⁴Embrapa Pecuária Sul; ⁵Embrapa Pecuária Sul; ⁶Embrapa Agricultura Digital

Destaque: O capim-annoni é uma planta invasora diplóide, com tamanho do genoma estimado em 424 Mb, muito próximo ao genoma do arroz.

Resumo: A invasão biológica pode causar uma série de danos como acontece com as infestações pelo capim-annoni (*Eragrostis plana*) no Sul do Brasil. Conhecer e entender a planta invasora favorece a adoção de estratégias eficientes de manejo. Conhecer os genes da espécie pode trazer informações mais interessantes ainda, a partir do momento que se analise o comportamento de genes funcionais. Uma rede de Pesquisa coordenada pela Embrapa tem buscado avançar no conhecimento do capim-annoni, utilizando a biologia molecular como ferramenta de apoio. O objetivo deste trabalho foi verificar o nível de ploidia, estimar o tamanho do genoma e iniciar o sequenciamento genômico da planta invasora capim-annoni. O nível de ploidia e o tamanho do genoma foram determinados em dois biótipos de capim-annoni (Bagé-RS e Pelotas-RS), a partir de amostras de tecido de plantas em estágio vegetativo no Laboratório da University of Arkansas, através de citometria de fluxo. Arroz e sorgo foram usados como espécies padrão para determinação do valor C. Para a etapa inicial do sequenciamento genômico, o DNA foi extraído a partir de tecidos foliares e submetido a uma empresa para sequenciamento. O capim-annoni foi confirmado como uma espécie diplóide, corroborando estudos da literatura com contagem de cromossomos (número somático $2n=20$). O tamanho do genoma da invasora é relativamente pequeno, correspondendo a 424 Mb, sendo similar ao tamanho do genoma do arroz (370 Mb) e inferior ao de *Eragrostis tef* (672 Mb). Foram geradas 53 milhões de pares de leituras de 150 pb (~37x de cobertura). A montagem gerou *scaffolds* que descrevem 369 Mb do genoma do capim-annoni e o BUSCO mostrou que 78% dos genes únicos da planta já estão descritos nessa montagem. Uma segunda etapa do sequenciamento está em andamento, visando obter a cobertura completa. As informações geradas permitirão que técnicas modernas como RNA interferente, possam ser analisadas no controle desta importante planta invasora das pastagens sulinas.

Palavras-chave: ploidia; planta invasora; pastagens; DNA

Agradecimentos: Embrapa, Universidade Federal de Pelotas e University of Arkansas

Instituição financiadora: Embrapa, CNPq, Capes e Fapergs