XVII SIMPÓSIO CIENTÍFICO
DOS PÓS-GRADUANDOS NO CENA

60 anos de pesquisa: passado, presente e futuro

Genômica Comparativa entre *Saccharum spp.* (SP80-3280) e *Sorghum bicolor* (BTx623): Identidade e Sintenia cromossômica

GabrielySantosdeOliveira[1*]; Diego Mauricio Riaño-Pachón[123].

[1] LabBCES - Laboratório de Biologia Computacional, Evolutiva e de Sistemas, CENA/USP, Piracicaba, Brasil;
[2] INCT - Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia do Bioetanol, USP, São Paulo, Brasil;
[3] RCGI - Research Centre for Greenhouse Gas Innovation, USP, São Paulo, Brasil.
*E-mail: Gabriely.santos@usp.br

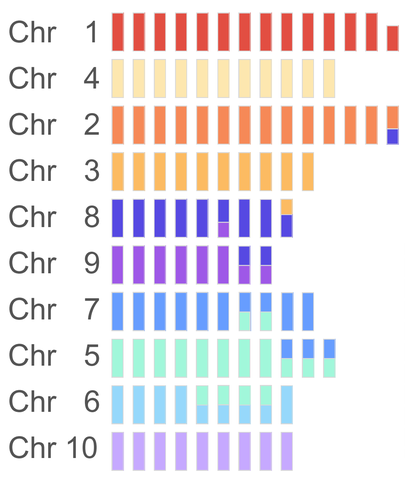
Introdução

A cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) possui um genoma poliplóide complexo, enquanto o sorgo (*Sorghum bicolor*) serve como modelo diplóide de referência na tribo *Andropogoneae*. Contudo, a abundância de repetições na cana-de-açúcar gera ruído no alinhamento direto por DNA, tornando a análise do espaço gênico uma alternativa mais precisa. Diante disso, este trabalho objetivou comparar a sintenia entre *Saccharum spp.* (SP80-3280) e *S. bicolor* (BTx623), avaliando o alinhamento bruto de nucleotídeos (Minimap2) contra a reconstrução sintênica por espaço gênico (GENESPACE).

Materiais e Métodos

LabBCES - Laboratório de Biologia Computacional, Evolutiva e de Sistemas

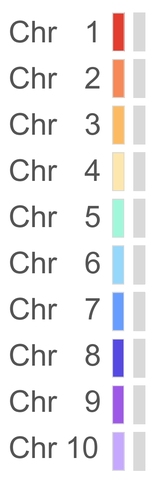
Montagem + anotação do genoma da cana-de-açúcar (SP80-3280):



104 Chr + ~340k genes anotados

NIH NLM National Center for Biotechnology Information

Montagem + anotação do genoma de sorgo (BTx623):



10 Chr (montagem monoploide) + ~32k genes anotados

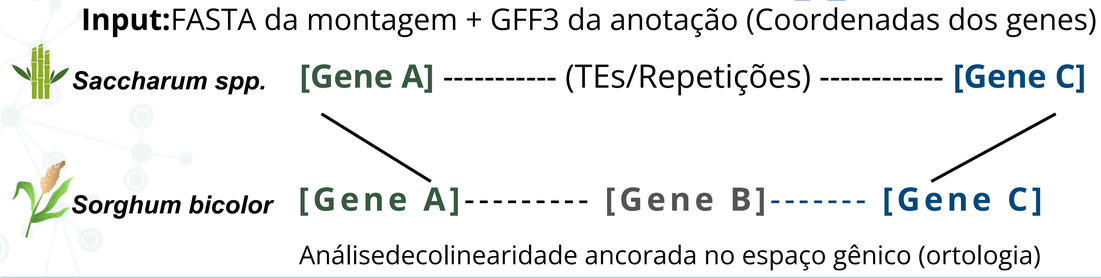
1 Alinhamento Minimap2 (d*otplot*): R ggplot2

Input: FASTA da montagem



2 Alinhamento sintenia e colinearidade: R GENESPACE

Input: FASTA da montagem + GFF3 da anotação (Coordenadas dos genes)



Análisedecolinearidade ancorada no espaço gênico (ortologia)

Resultados e Discussão



Figura 1. Matriz de pontos (*dotplot*) do alinhamento entre os 104 cromossomos de *Saccharum spp.* (SP80-3280) (eixo Y, ordenados por tamanho/grupo) e a cópia monoploide dos cromossomos de *Sorghum bicolor* (BTx623) (eixo X).

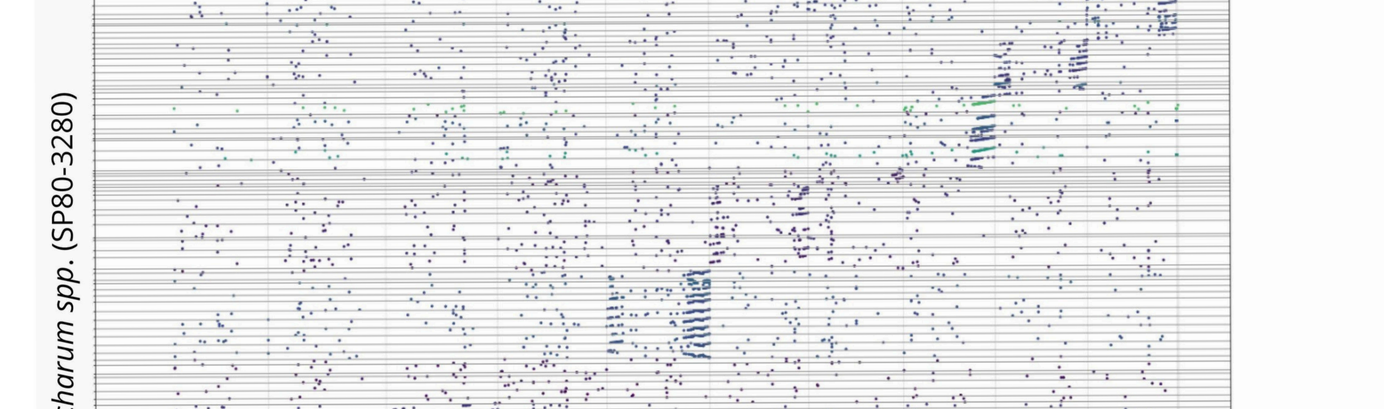


Figura 2. Análise de sintenia e colinearidade no espaço gênico (GENESPACE) entre os cromossomos de *Saccharum spp.* (SP80-3280) e o genoma de referência de*Sorghumbicolor* (BTx623).

Conclusão

Apesar da intensa expansão de regiões repetitivas no DNA da cana-de- açúcar, a arquitetura gênica permanece altamente conservada em relação ao sorgo. Enquanto o alinhamento primário de nucleotídeos (Minimap2) apresenta ruído e fragmentação nessas regiões, a análise focada no espaço gênico (GENESPACE) supera tais limitações, eliminando ambiguidades e resgatando asintenia cromossômica em genomas poliploides complexos.

Agradecimentos

CAPES, cena 60 anos, INCT Bioetanol, CENAPAD, Fealq, CNPq, FAPESP, cena USP

Realização: APG CENA-USP; cena 60 anos

Apoio: Fealq 50 anos; Pós-Graduação CENA-USP; CAPES; Laboratório de Biologia Celular e Molecular

Patrocínio: Laboratório de Ecotoxicologia CENA | USP | BRASIL; GEPEST Grupo de Extensão em Pesticidas; Laboratório de Isótopos Estáveis CENA/USP; CRECIN Centro de Referência em Ensino de Ciências da Natureza