XVII SIMPÓSIO CIENTÍFICO
DOS PÓS-GRADUANDOS NO CENA
60 anos de pesquisa: passado, presente e futuro

Construção e análise do pangenoma baseado em grafos de *Moniliophthora roreri*

Isabella Gallego Rendón[1]*; Diego Mauricio Riano-Pachón[1]

[1] Laborátorio de Biologia Computacional, Evlutiva e de Sistemas, Centro de Energia Nuclear na Agricultura, Universidade de São Paulo;
*igallegor@usp.br

Introdução

Moniliophthora roreri é o fungo causador da monilíase no cacaueiro (*Theobroma cacao*) e em outras espécies dos gêneros *Theobroma* e *Herrania*, como o cupuaçu (*T. grandiflorum*). Compreender sua diversidade genômica pode ampliar o conhecimento sobre sua biologia e apoiar estudos sobre a interação com plantas hospedeiras. Este trabalho teve como objetivos construir o pangenoma em grafos de *M. roreri* a partir de genomas públicos, comparar duas ferramentas de construção, avaliando o efeito do genoma de referência sobre as variantes, e explorar a relação entre distância genética e geográfica entre os isolados.

Materiais e Métodos

Cinco genomas públicos de *M. roreri* montados com leituras longas (PacBio; B3, C26, CO8, CO84 e E7) foram usados para padronizar a construção de pangenomas em grafos com PGGB e Minigraph-Cactus. As variantes foram extraídas com vg deconstruct (no PGGB, usando cada genoma como referência) e anotadas por região genômica (CDS, UTR, íntron e intergênica). Em seguida, o PGGB foi aplicado a 24 genomas públicos; suas comunidades foram comparadas aos grupos sintênicos dos genomas PacBio, e a distância genética baseada em SNPs foi comparada à geográfica por teste de Mantel (Figura 1).

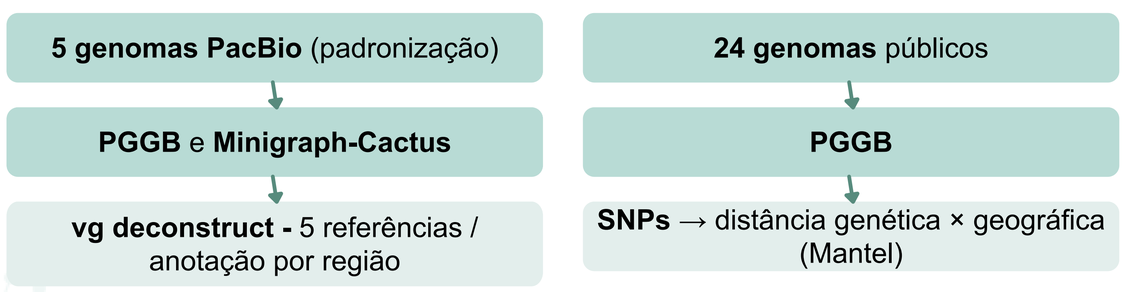


Figura 1. Fluxo de análise do pangenoma em grafos de *M. roreri*.

Resultados e Discussão

PGGB e Minigraph-Cactus geraram grafos de ~69 Mb, e as comunidades do PGGB corresponderam, em geral, aos grupos sintênicos dos genomas PacBio (Figura 2). O total de variantes variou até 4,5% conforme a referência (13% nas deleções; Figura 3). A distância genética correlacionou-se fracamente com a geográfica (Mantel r = 0,17; p = 0,008), sinal não detectada dentro da Colômbia (n = 14) (Figura 4).

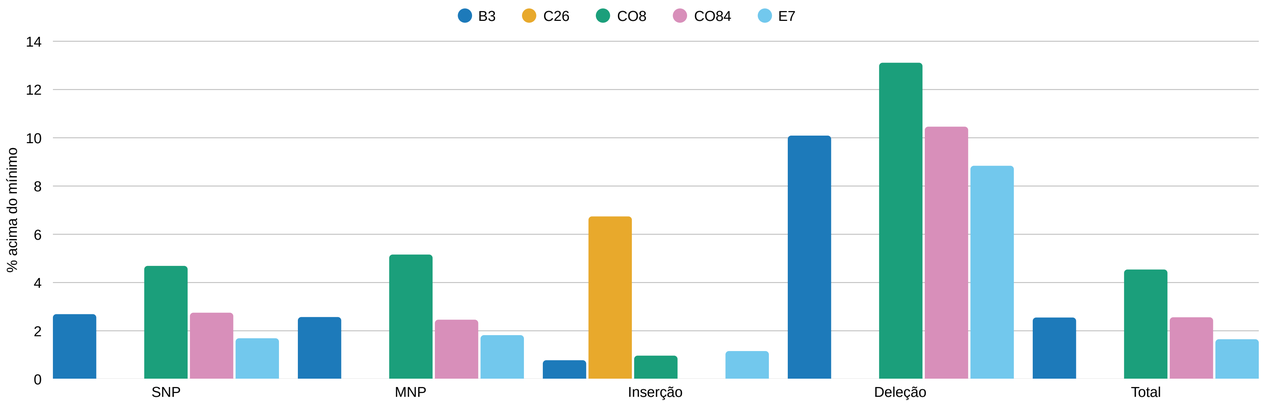


Figura 3. Variantes do PGGB conforme o genoma de referência, em relação à referência com menos variantes.

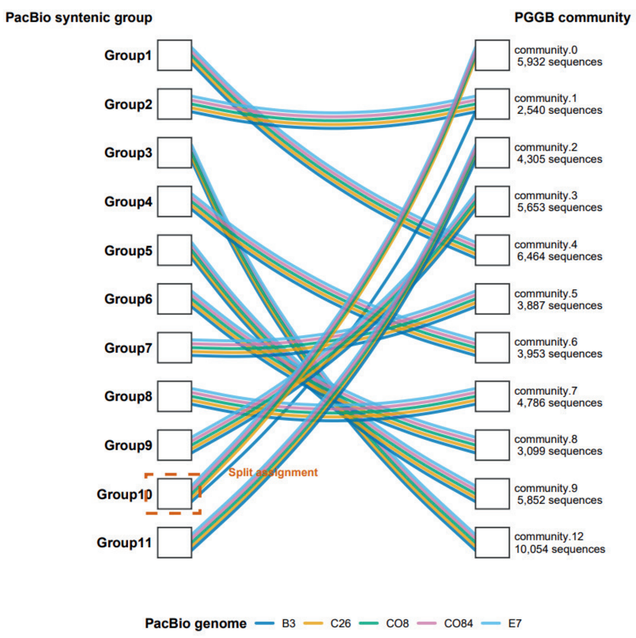


Figura 2. Grupos sintênicos (PacBio) e comunidades do PGGB.

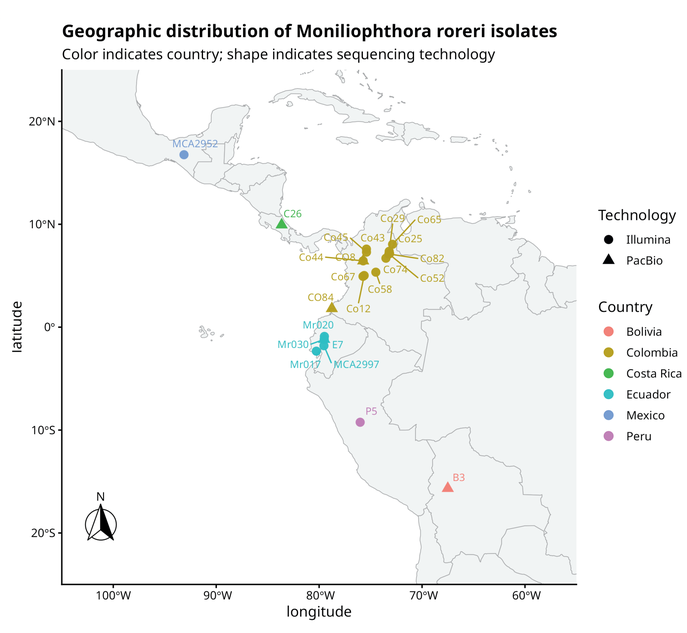


Figura 4. Os 10% de pares de isolados geneticamente mais similares.

Conclusão

Os grafos sugerem estrutura cromossômica conservada, mas as variantes dependem da referência. A geografia explica apenas parte da diversidade de *M. roreri*.

Realização
Apoio
Patrocínio