XVII SIMPÓSIO CIENTÍFICO
DOS PÓS-GRADUANDOS NO CENA

60 anos de pesquisa: passado, presente e futuro

Pangenoma de pragas agrícolas do gênero *Spodoptera*: diversidade genômica e anotação funcional de genes com variantes

Murilo Basso[1]*; Diego Mauricio Riaño-Pachón[1]

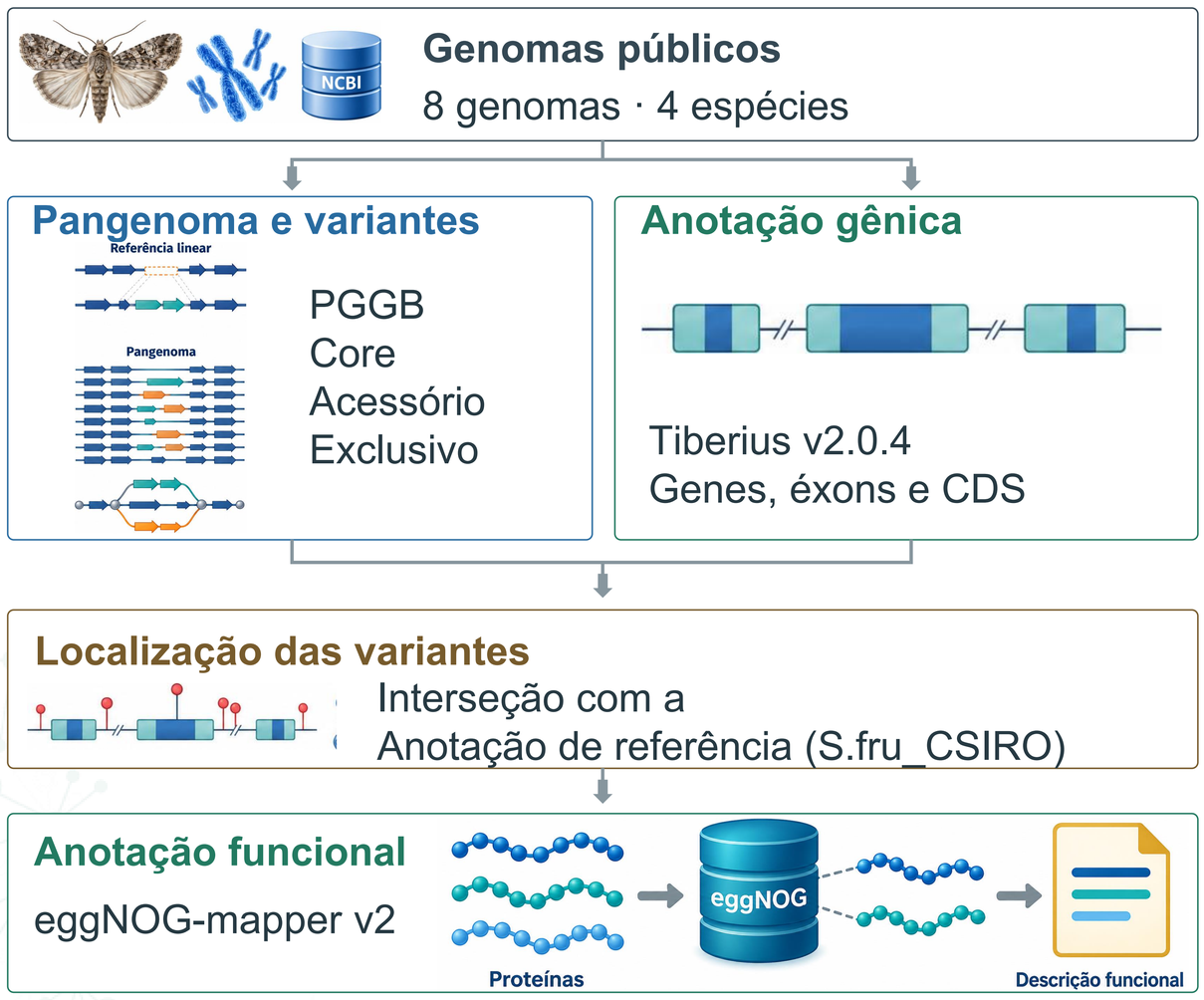
[1] Laboratório de Biologia Computacional, Evolutiva e de Sistemas (LabBCES),Centro de Energia Nuclear na Agricultura (CENA-USP),Piracicaba-SP;

*murilobasso@usp.br

Introdução

Pragas do gênero *Spodoptera* representam uma das principais ameaças à produção agrícola global, causando danos expressivos a culturas como milho, soja e algodão. A caracterização de sua diversidade genômica contribui para investigar processos evolutivos que sustentam seu sucesso adaptativo e subsidiar programas de Manejo Integrado de Pragas (MIP). Análises genômicas baseadas em uma única referência linear podem deixar de representar a variabilidade genética. Pangenomas representam uma nova geração de referências genômicas capazes de capturar a diversidade genética real das populações. A integração dessas informações com anotações gênicas permite localizar variantes e identificar as funções dos genes que as contêm. Assim, este trabalho teve como objetivos construir e caracterizar o pangenoma de *S. frugiperda*, *S. litura*, *S. littoralis* e *S. exigua*, quantificar e classificar suas variantes, determinar sua distribuição no genoma e caracterizar funcionalmente os genes contendo variantes.

Materiais e Métodos



Resultados e Discussão

Tamanho do pangenoma: 1,69 Gb

Espécie	Montagem	Mb	Espécie	Montagem	Mb
S. litura	ASM270686v3	399,8	*S. exigua*	NJAU	421,8
S. frugiperda	ZJU	473,8	*S. exigua*	QAU	425,6
S. frugiperda	ASM1297921v2	375,9	*S. exigua*	PGI	440,7
S. frugiperda	CSIRO	381,8	*S. littoralis*	PGI	435,6

Comprimento representado (Mb)
370 400 430 460 480

Figura 1. Tamanho do pangenoma e comprimento representado pelos caminhos de cada genoma.

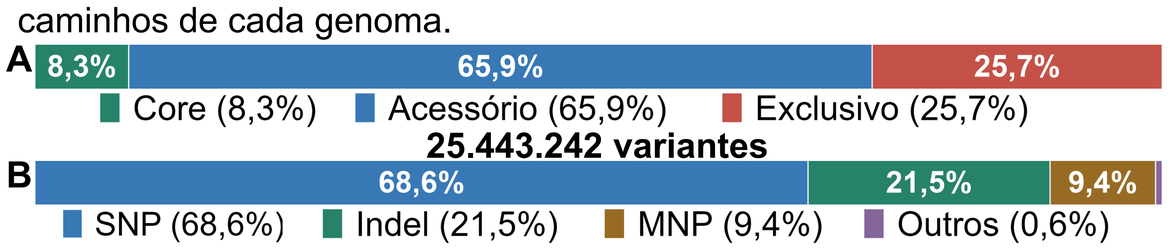


Figura 2. (A) Composição das bases agregadas dos oito genomas. (B) Tipos de variantes ancoradas na referência CSIRO.

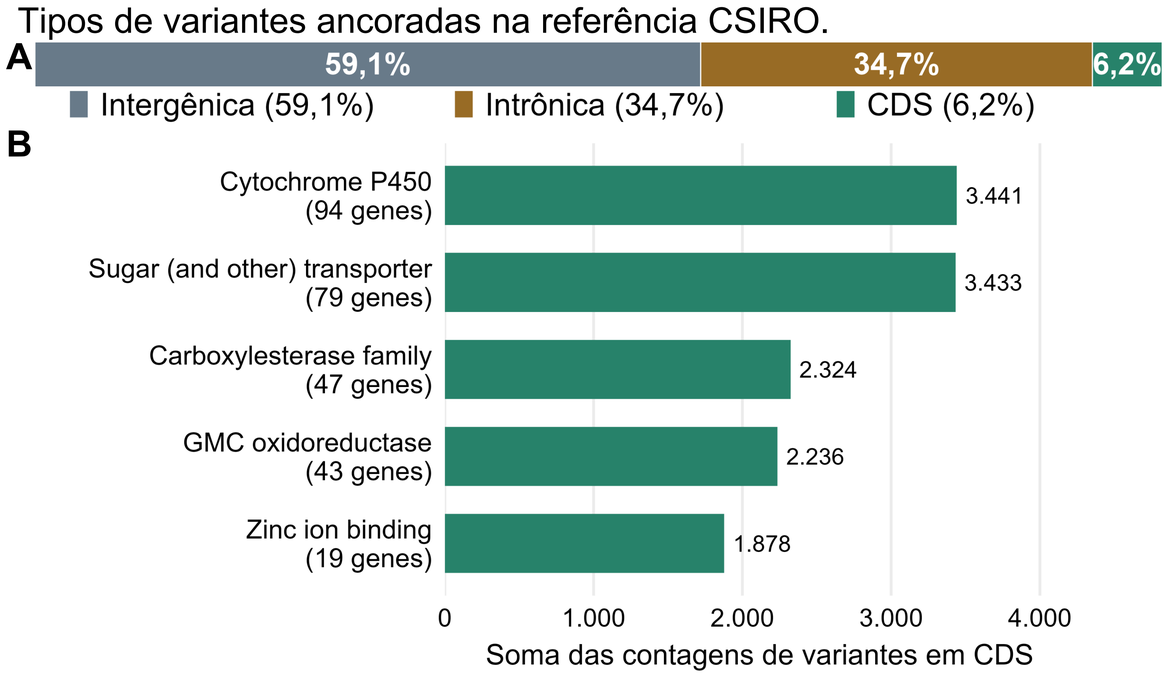


Figura 3. (A) Localização das variantes na CSIRO. (B) Variantes em CDS por descrição eggNOG, com número de genes entre parênteses.

Conclusão

O pangenoma de Spodoptera totalizou 1,69 Gb, com predominância de sequências variáveis e 8,3% das bases agregadas classificadas como core. Na referência CSIRO, as variantes predominaram em regiões intergênicas e intrônicas e interceptaram CDS de genes com funções diversas, fornecendo uma base para futuros estudos de adaptação e resistência.

Agradecimentos

Realização Apoio Patrocínio