Anotação genômica de cultivares de cana-de-açúcar utilizando a pipeline GALBA

Gabriely Santos de **OLIVEIRA**[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

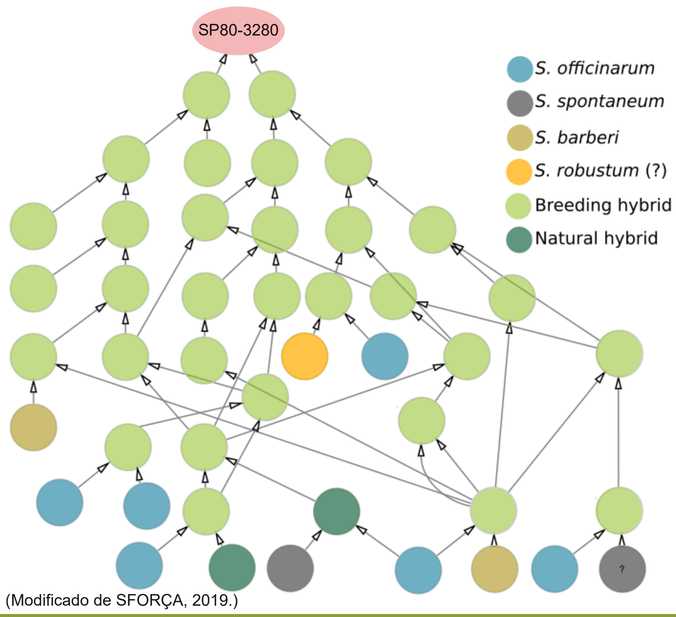
XVI SIMPÓSIO CIENTÍFICO DOS PÓS-GRADUANDOS NO CENA
SOLUÇÕES SUSTENTÁVEIS PARA A AGRICULTURA E AMBIENTE

Introdução

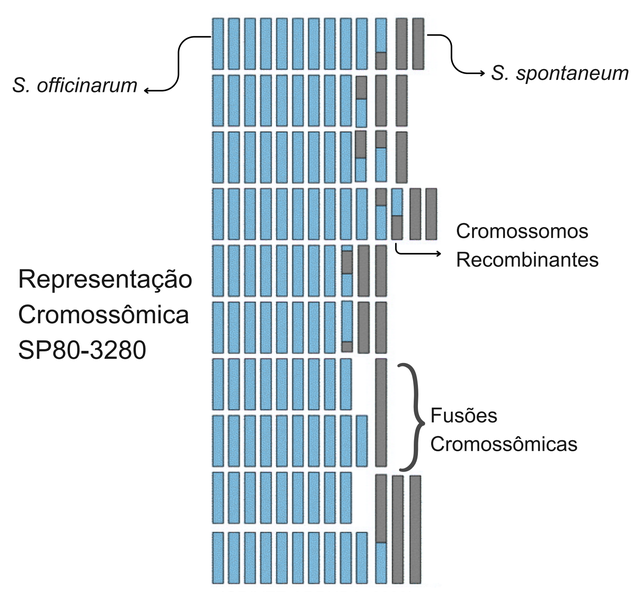
A cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) é uma gramínea C4 com genoma altamente complexo devido à domesticação e cruzamentos entre espécies como *S. officinarum* e *S. spontaneum*, as variedades modernas são híbridos interespecíficos, poliplóides e aneuplóides, com genomas estimados em >10 Gbp e número variável de cromossomos (2n ≈ 100–130), o que dificulta o sequenciamento e a anotação gênica.

O avanço de pipelines automatizadas, como o GALBA, possibilita anotação genômica, fornecendo subsídios para análises comparativas entre espécies e híbridos.

A linhagem e a organização esquemática do genoma híbrido SP80-3280.

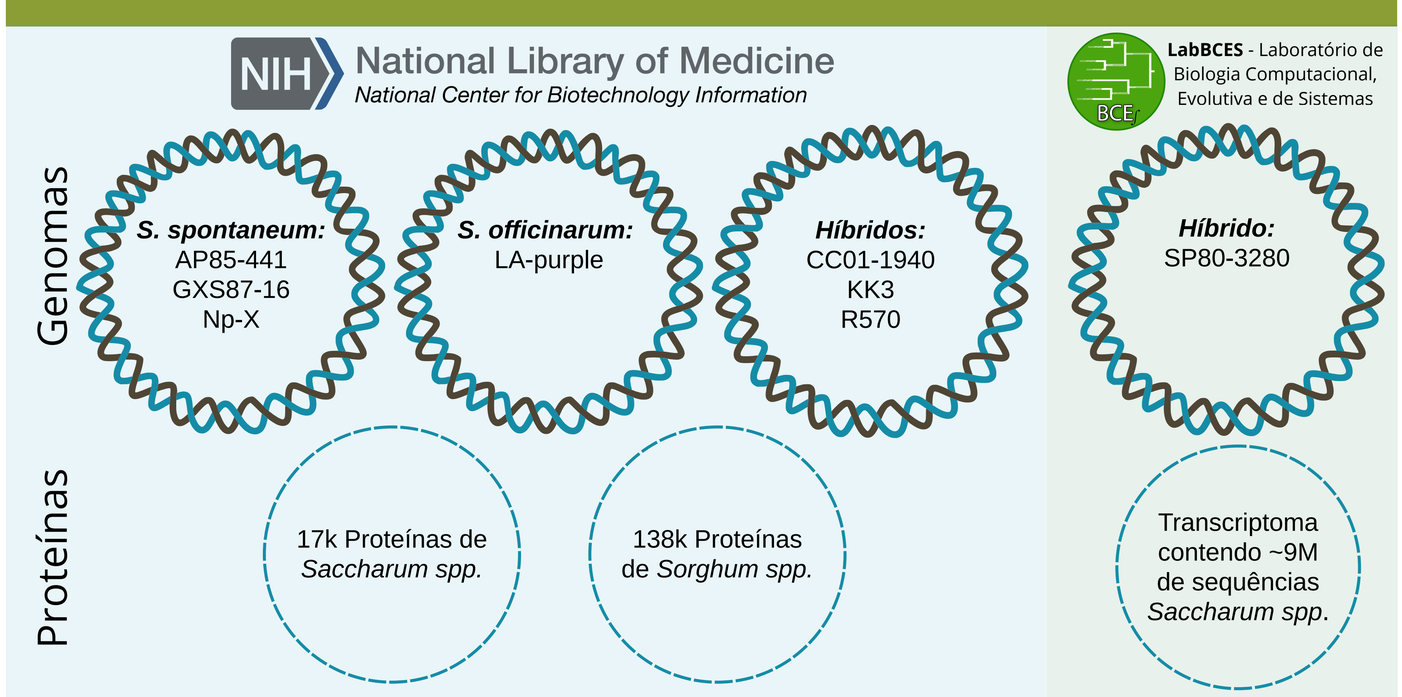


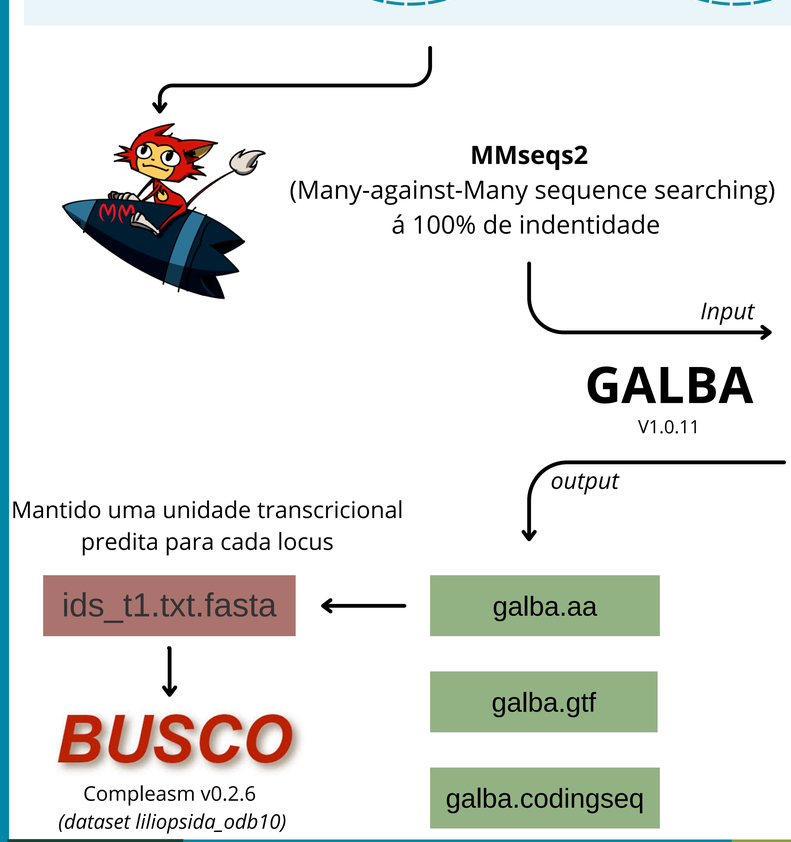
(Modificado de SFORÇA, 2019.)

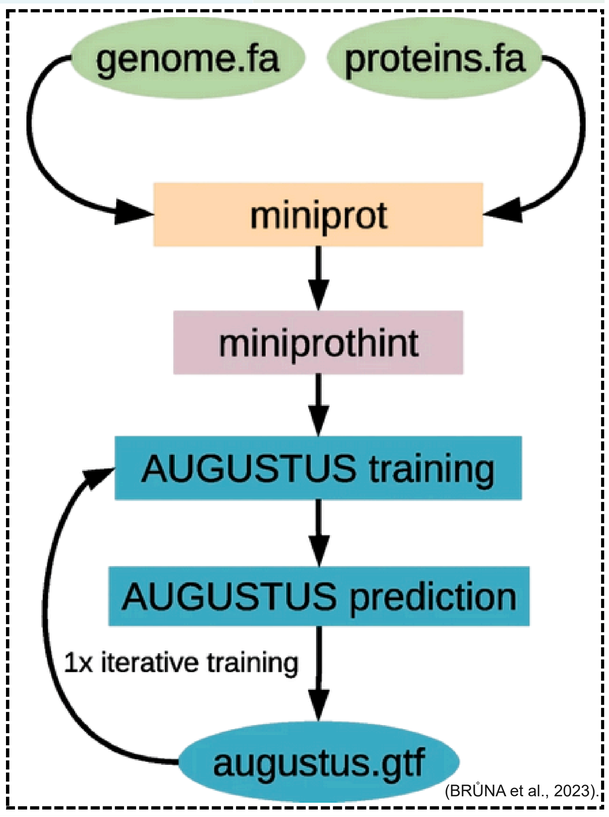


(GRIVET; ARRUDA, 2002)

Material e Métodos



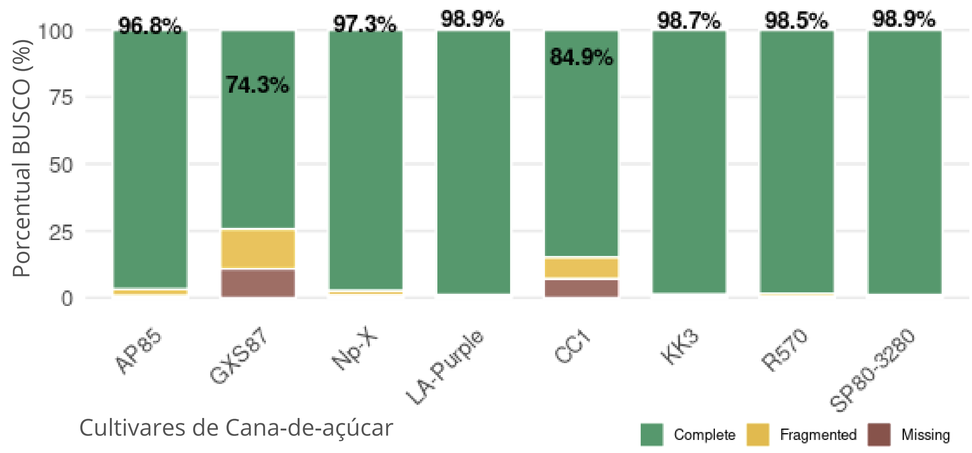




(BRÚNA et al., 2023).

Resultados

Completude das anotações de cultivares com Compleasm.

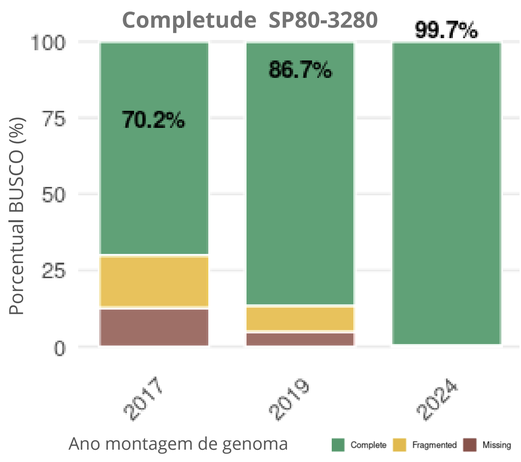


Características genômicas das cultivares de cana-de-açúcar.

Cultivar	Tipo de montagem	Nº Cromossomos	Nº de genes
AP85-441 (2018)	Cromossômica	4x = 32 Cromossomos	422.6k
GXS87-16 (2018)	Contig	-	462.7k
Np-X (2022)	Cromossômica	4x = 40 Cromossomos	354.9k
LA-Purple (2021)	Cromossômica	8x = 80 Cromossomos	721.0k
CC01-1940 (2021)	Cromossômica	x = 10 pseudo Cromossomos	190.1k
KK3 (2023)	Cromossômica	6x = 56 pseudo Cromossomos	905.9k
R570 (2024)	Cromossômica	12x ≈ 114 Cromossomos	1.048M
SP80-3280 (2024)	Cromossômica	10x =104 pseudo Cromossomos	2.107M

Evolução das métricas genômicas da híbrido SP80-3280 ao longo dos anos.

Anotação genômica SP80-3280		
Ano	**Tipo de montagem**	**Nº de genes**
2017	Contig	199.0 k
2019	Contig	373.0 k
2024	Cromossômica	2.107M



Conclusão

O pipeline GALBA demonstrou alta eficiência na anotação de genomas complexos. No entanto, a qualidade do sequenciamento, da montagem genômica e a inclusão de dados transcricionais são fatores determinantes para a completude e a acurácia das anotações. Os resultados obtidos fornecem uma base sólida para análises genômicas comparativas e para programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar.

Agradecimentos

Agradecimento ao MSc. Felipe Vaz Peres pelos transcriptomas de *Saccharum spp.* e do híbrido SP80-3280.

Realização: Apoio: Patrocinadores: