

## Genoma completo do *Peanut mottle virus* infectando amendoim forrageiro (Complete genome of *Peanut mottle virus* infecting forage peanut)

Pantoja, k. f. c.<sup>1</sup>; Boari, a. j.<sup>2</sup>; Sakate, r. k.<sup>1</sup>; Marchi, b. r.<sup>3</sup>; Assis, g. m. l.<sup>4</sup>; Goncalves, r. c.<sup>4</sup>; Kitajima, e. w.<sup>5</sup>. <sup>1</sup>Universidade Estadual Paulista, UNESP, Botucatu, SP; <sup>2</sup>Embrapa Amazônia Oriental, Belém, PA; <sup>3</sup>University of Florida; <sup>4</sup>Embrapa Acre, Rio Branco, AC; <sup>5</sup>Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz - ESALQ/USP, Piracicaba - SP. Email: kessiapantoja66@gmail.com.

Resumo: *Arachis pintoi* (Krapov & W.C. Gregory) é uma leguminosa tropical pertencente à família Fabaceae que tem sido usada para finalidades distintas, como forrageira; cobertura do solo em pomares, florestas e plantio direto; controle da erosão e como ornamental. Esta forrageira tem sido utilizada no Brasil, Austrália, Colômbia e Bolívia devido ao seu alto valor nutritivo. Por meio de testes de RT-PCR detectou-se a presença do *Peanut mottle virus* (PeMoV) em três genótipos de *A. pintoi* pertencentes ao banco ativo da Embrapa Acre, e através de microscopia eletrônica foram observadas partículas alongadas e flexuosas. O objetivo deste trabalho foi sequenciar o genoma completo do PeMoV por meio do sequenciamento de alto desempenho (*Next-Generation Sequencing-NGS*). A extração de RNA total dos genótipos foi realizada com o Kit Viral PureLink de RNA (Invitrogen) seguido por preparação de biblioteca e sequenciamento de transcriptoma usando a plataforma Illumina HiSeq2500. A montagem de novo das leituras de 24.659.442 foi realizada usando o software CLC Genomics Workbench v7.0.3. Os 9.709 contigs obtidos foram submetidos a pesquisa BLASTn usando o software Geneious v.9.1.5. A análise NGS permitiu obter a completa sequência genômica do PeMoV com aproximadamente 9.680 nucleotídeos (GenBank MK396065). A análise filogenética foi baseada no genoma completo e para comparação, as sequências de outros sete isolados de PeMoV disponíveis no GenBank foram incluídas nas análises. O genoma completo do PeMoV obtido em amendoim forrageiro apresentou entre 95,7 e 99,2% de identidade com os isolados de PeMoV disponíveis no GenBank. O isolado de Liaoning (MH270528) proveniente da China foi o que apresentou maior identidade (99,2%) com o isolado brasileiro. Este é o primeiro estudo do genoma completo do PeMoV infectando amendoim forrageiro no Brasil.

**Palavras-chave:** *Arachis pintoi*; NGS; virus

**Apoio:** CNPq; Unipasto; Fapesp 2017/18910-4