

## Montagem do genoma de *Barley yellow dwarf virus* utilizado em caracterização de genótipos de cereais

Talita Bernardon Mar<sup>(1)</sup> e Douglas Lau<sup>(2)</sup>

<sup>(1)</sup>Bolsista DTI-Embrapa-CNPq. <sup>(2)</sup>Pesquisador da Embrapa Trigo, orientador, Passo Fundo, RS.

**Resumo** - O nanismo-amarelo em cereais de inverno no Brasil é causado, predominantemente, pelo *Barley yellow dwarf virus-PAV* (BYDV-PAV) (Luteovirus, Luteoviridae) transmitido, principalmente, por *Rhopalosiphum padi* (Linnaeus, 1758). Os danos à produção dependem do nível de tolerância/resistência das cultivares. Visando a caracterização da reação de genótipos de cereais de inverno, a Embrapa Trigo desenvolveu um método de manutenção e multiplicação de isolados virais empregados em inoculações. O isolado de BYDV-PAV mais utilizado, 40Rp, é originário de aveia-preta (*Avena strigosa* Schreb) coletada em Passo Fundo, RS, em 2007. Esse isolado foi originalmente identificado por sorologia e sequenciamento do gene da capa proteica (GenBank: JX067816). Como o vírus é mantido *in vivo* em aveia-preta e transferido entre plantas utilizando o afídeo vetor, continuamente variantes atenuados do vírus podem ser selecionados. O objetivo deste trabalho foi realizar a montagem do genoma do isolado utilizado nas caracterizações visando a identificação inequívoca da espécie e obtenção de um genoma de referência. A biblioteca de DNA complementar foi gerada a partir de dsRNA e sequenciada na plataforma BGISEQ-500 (BGI, Beijing, China). Os dados foram analisados utilizando Trinity de acordo com o protocolo [github.com/trinityrnaseq/trinityrnaseq/wiki](https://github.com/trinityrnaseq/trinityrnaseq/wiki) e geraram aproximadamente 45 milhões de *reads* com Q20>97%. O genoma (5.655 nt) foi completamente sequenciado (MT345895) e apresentou identidade entre 93-95% com isolados de BYDV-PAV da Eurásia. Todas as ORFs foram mapeadas: RdRp (P1-P2, 130–2732), CP (2846–3448), MP (2722–2865, 2889–3350), CP-RTD (2846–4798) e P6 (5034–5658). Esse genoma embasará futuros estudos de estabilidade genética e fenotípica do vírus.

**Termos para indexação:** *high throughput sequencing*, fenotipagem, resistência genética

**Apoio:** Embrapa e CNPq