

## Sequenciamento do genoma de um *Cytorhabdovirus* infectando patchouli (Genomesequencing of a *Cytorhabdovirus* infecting patchouli)

Ayane Fernanda Ferreira Quadros<sup>1</sup>; Caterynne Melo Kauffmann<sup>2</sup>; Alessandra DE Jesus Boari<sup>3</sup>; Rosana Blawid<sup>4</sup>; Tatsuya Nagata<sup>5</sup>. <sup>1</sup>Universidade Federal de Viçosa - UFV, Viçosa, MG; <sup>2</sup>Universidade Federal Rural da Amazônia - UFRA, Belém, PA; <sup>3</sup>Laboratório de Fitopatologia, Embrapa Amazônia Oriental, Belém, PA; <sup>4</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco - UFRPE, Recife, PE; <sup>5</sup>Universidade de Brasília - UnB, Brasília, DF. Email: ayane.quadros@ufv.br.

O patchouli (*Pogostemon cablin* Benth.), pertencente à família *Lamiaceae*, é uma planta utilizada para exploração de óleo essencial na perfumaria e no tratamento de enfermidades por suas propriedades medicinais. No horto de plantas medicinais da Embrapa Amazônia Oriental, Belém-PA, foram observadas plantas com sintomas típicos de viroses, incluindo deformação e mosqueado das folhas além de clorose das nervuras. Assim, o objetivo deste trabalho foi identificar o vírus infectando patchouli através do sequenciamento de alto desempenho (*Next-Generation Sequencing-NGS*). O RNA genômico isolado de partículas virais parcialmente purificadas foi submetido ao NGS, utilizando a plataforma Illumina HiSeq2000 (100pb, paired-end). Os *contigs* foram montados com SPAdes e submetidos a análise tBLASTX (Geneious R8.0) usando um banco de genomas virais (RefSeq, maio de 2019). O genoma obtido possui cerca de 13kb, e apresenta a maior identidade nucleotídica (28,5%) com *Strawberry crinkle cytorhabdovirus* - SCV (MH129615). Verificou-se que a sequência de aminoácidos das seis ORFs identificadas: ORF1 (*N protein*), ORF2 (*P protein*), ORF3 (*4b protein*), ORF4 (*M protein*), ORF5 (*G protein*) e ORF6 (*L protein*) apresentam identidade de 37,47%, 27,34%, 28,47%, 25,68%, 35,27% e 47,46%, respectivamente, com o acesso MH129615. Um par de *primers* foi desenhado a partir da sequência montada, e posteriormente, por meio do RT-PCR confirmou-se a presença do vírus em plantas de patchouli com os sintomas previamente mencionados. A baixa identidade nucleotídica e de aminoácidos indica que esta possivelmente trata-se de uma nova espécie viral pertencente ao gênero *Cytorhabdovirus* infectando o patchouli.

**Palavras-chave:** *Pogostemon cablin*; *Rhabdoviridae*; RNA