

IDENTIFICAÇÃO DE VÍRUS ASSOCIADOS A CUCURBITÁCEAS POR SEQUENCIAMENTO DE ALTO DESEMPENHO

IDENTIFICATION OF VIRUSES SPECIES ASSOCIATED WITH CUCURBITS BY HIGH-THROUGHPUT SEQUENCING

Bruno Arcanjo Silva¹; **Helena Beatriz da Silva Mota**¹; **Caterynne Melo Kauffmann**¹; **Paloma de Souza Queiroz**²; **Amanda Moraes do Vale Batista**²; **Stephanny Barreto dos Santos Cárdenas**²; **Débora Maria Sansini Freitas**³; **Tatsuya Nagata**⁴

¹Bolsista. Campus Darcy Ribeiro, Instituto de Ciências Biológicas, Departamento de Fitopatologia, Brasília-DF, Brasil. Universidade de Brasília; ²Bolsista. Campus Darcy Ribeiro, Instituto de Ciências Biológicas, Brasília-DF, Brasil. Universidade de Brasília; ³Pesquisador(a). Petrolina-PE, Brasil. Embrapa Semiárido; ⁴Docente. Campus Darcy Ribeiro, Instituto de Ciências Biológicas, Departamento de Biologia Celular, Brasília-DF, Brasil. Universidade de Brasília

Resumo:

A família *Cucurbitaceae* é formada por 97 gêneros com 950 espécies de plantas. No Brasil, as principais espécies cultivadas são aquelas pertencentes aos gêneros *Citrullus* (melancia), *Cucumis* (pepino, maxixe e melão), *Cucurbita* (moranga, abóbora e abobrinha), *Lagenaria* (cabaça-caxi) e *Sechium* (chuchu). A partir dos anos 90, o Nordeste brasileiro tem se destacado no cultivo de cucurbitáceas, como a melancieira e principalmente o meloeiro, transformando o Brasil em um grande exportador de melão. As viroses se destacam como as principais doenças das cucurbitáceas podendo ocorrer em altas incidências e em diferentes níveis de severidade. Destaca-se a ocorrência de infecção mista de vírus em cucurbitáceas, uma vez que uma pode servir de reservatório para a outra no campo. No Brasil são relatados cerca de quatorze vírus que infectam cucurbitáceas e estes vírus podem ocorrer em infecção simples ou mista. Assim, o objetivo deste trabalho foi estudar viroma e identificar novos vírus em cucurbitáceas (*Citrullus* spp., *Cucumis* spp., *Cucurbita* spp. e *Sechium* spp.) utilizando *High-Throughput Sequencing* (HTS). As amostras foram semi-purificadas e o RNA total foi extraído de um pellet obtido por centrifugação em colchão de sacarose, usando um Quick-RNA™ Plant MiniPrep Kit (Zymo Research, Irvine, EUA). Uma biblioteca de cDNA foi feita utilizando RNA extraído em um *pool* e sequenciada usando um sistema Novaseq na escala 10G (150bp paired-end). Os *reads* foram trimados e os *contigs* foram montados usando MEGAHIT. Foi realizado um BLASTx usando o banco de dados de proteínas virais (RefSeq 2023) na plataforma Geneious Prime. As análises mostraram a presença de 8 gêneros de vírus, *Carlavirus*, *Cucumovirus*, *Badnavirus*, *Caulimovirus*, *Coguvirus*, *Potyvirus*, *Polerovirus* e *Orthospovirus*. Análises complementares sobre a ocorrência desses vírus ainda estão em andamento.

Palavras-chave: Cucurbitáceas; viroses; HTS

Apoio

FAP-DF; CNPq