

Montagem inicial do genoma de amendoim forrageiro

Jônatas Chagas de Oliveira⁽¹⁾, Giselle Mariano Lessa de Assis⁽²⁾, Tatiana de Campos⁽³⁾ e Marco Aurélio Caldas de Pinho Pessoa Filho⁽⁴⁾

⁽¹⁾ Técnico de laboratório, Universidade Federal do Acre, Rio Branco, AC. ⁽²⁾ Pesquisadora, Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS. ⁽³⁾ Pesquisadora, Embrapa Cerrados, Planaltina, DF. ⁽⁴⁾ Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF.

Resumo – O amendoim forrageiro (*Arachis pintoi* Krapov. e W.C. Greg.) tornou-se conhecido por suas vantagens como cultura de cobertura verde, que incluem proteção contra erosão, aumento da retenção de umidade do solo e fixação biológica de nitrogênio. Seu uso em pastagens consorciadas com gramíneas tem contribuído para o ganho de peso e redução de até 7 meses no tempo de abate do gado. No entanto, a quantidade limitada de ferramentas moleculares para auxiliar no desenvolvimento de novas cultivares tem sido apontada como um gargalo significativo dentro do programa de melhoramento. Assim, o objetivo deste estudo foi a obtenção do rascunho do genoma de *A. pintoi*. O sequenciamento foi realizado com os equipamentos PacBio Sequel II e Revio. A montagem inicial foi construída com o programa Hifiasm. Posteriormente, os programas Blobtools e MitoHiFi foram empregados para detectar e eliminar sequências de contaminantes e organelas. A montagem final resultou em 428 fragmentos, com tamanho total de 1,5 Gpb. O valor de N50 foi 31,6 Mpb e o maior fragmento teve 106,8 Mpb. A análise de completude da montagem, utilizando o banco de dados embryophyta_odb10, mostrou 99,00% de genes ortólogos completos, com apenas 0,60% fragmentado e 0,40% ausente. A anotação de regiões repetitivas indicou que 78,25% do genoma consistia em repetições. Essa é a primeira montagem de genoma na seção *Caulorhizae* do gênero *Arachis*, o que contribuirá grandemente ao entendimento da diversidade genética e filogenia dentro do gênero, além de permitir o desenvolvimento e aplicação de tecnologias de genotipagem de última geração que darão suporte ao programa de melhoramento.

Termos para indexação: *Arachis pintoi*, sequenciamento de terceira geração, genômica, leguminosa forrageira, recursos genéticos.

Initial genome assembly of forage peanut

Abstract – Forage peanut (*Arachis pintoi* Krapov. and W.C. Greg.) has become known for its advantages as a green cover crop, including protection against erosion, increased soil moisture retention, and biological nitrogen fixation. Its use in pastures intercropped with grasses has contributed to weight gain and a reduction of up to seven months to cattle slaughter. However, the breeding program has identified the limited availability of molecular tools as a significant bottleneck in the development of new cultivars. Thus, this study aimed to obtain the draft genome of *A. pintoi*. Sequencing was performed with PacBio Sequel II and Revio. The initial assembly was constructed with the hifiasm program. Subsequently, Blobtools and MitoHiFi programs were used to detect and eliminate contaminants and organelle sequences. The final assembly yielded 428 fragments with a total size of 1.5 Gbp. The N50 value was 31.6 Mbp, and the largest fragment was 106.8 Mbp. Completeness analysis of the assembly using the embryophyta_odb10 database showed 99.00% complete orthologous genes, with only 0.60% fragmented and 0.40% missing. Annotation of repetitive regions indicated that 78.25% of the genome consisted of repeats. This is the first genome assembly in the *Caulorhizae* section of the genus *Arachis*, which will greatly contribute to the understanding of genetic diversity and phylogeny within the genus, in addition to allowing the development and application of next-generation genotyping technologies that will support the breeding program.

Index terms: *Arachis pintoi*, third-generation sequencing, genomics, forage legume, genomic resources.