

ANÁLISE DE GENOMAS DE *SORGHUM BICOLOR*, *ZEА MAYS* E SEUS POSSÍVEIS ANCESTRAIS COMO FERRAMENTA PARA UM ESTUDO COMPARATIVO *IN SILICO*

FRANCO, Isabella da Cruz⁽¹⁾ (isacruz@icloud.com); **SOUZA, Ronaldo Omizolo**⁽¹⁾ (ronaldo_omizolo@hotmail.com); **BAVARESCO JUNIOR, Ramir**⁽¹⁾ (ramirbjunior@gmail.com); **PEREIRA, Rodrigo Matheus**⁽²⁾ (rodrigopereira@ufgd.edu.br); **CANDIDO, Liliam Silvia**⁽²⁾ (liliamcandido@ufgd.edu.br)

⁽¹⁾ Graduando (a) do curso de Bacharelado em Biotecnologia da Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais/ Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD), Dourados-MS, Brasil.

⁽²⁾ Dr. (a). Professor (a) Adjunto da Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais da Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD), Dourados-MS, Brasil.

Há mais de 8000 anos o milho é cultivado ao redor do mundo, graças a sua ampla adaptabilidade representada por várias subespécies e cultivares ancestrais e modernas. Algumas teorias sustentam a ideia de que o teosinto, *Zea mays*, subsp. *mexicana*, deu origem ao milho. Entretanto, análises moleculares identificaram outra forma de teosinto (*Zea mays* subsp. *parviglumis*) como o progenitor do milho. De forma que, até o momento não se conhece ao certo a verdadeira ancestralidade desse cereal de tamanha importância econômica para o mundo. Por ser uma cultura domesticada, sabe-se que transferência de genes de resistência (R) entre as espécies ancestrais e a cultivada atualmente foi facilitada. Os genes R são classificados em cinco classes: CNL, TNL, RLP, RLK e outros. O objetivo desse trabalho foi identificar genes R comuns entre *Sorghum bicolor*, Teosinto, *Zea mays* subsp. *parviglumis*, *Zea mays* subsp. *mexicana*, *Zea* subsp. *luxurians* e *Zea* subsp. *diploperennis*, comparadas com a espécie *Zea mays mays* (milho moderno). As sequências de dados biológicos foram coletadas das fontes: Phytozome V11.0, o European Nucleotide Archive (ENA) e o National Center for Biotechnology Information (NCBI), e as análises realizadas com o auxílio de ferramentas de bioinformática (BLAST e PRG-Wiki). Não foi possível encontrar o transcriptoma completo de todas as espécies, somente a do *Sorghum bicolor* e *Zea mays mays*. Já para as outras espécies foram utilizadas informações parciais encontradas no GenBank e no ENA. Para a realização do alinhamento foi utilizado o parâmetro de nota de corte e-value de pelo menos 1e-5. Posteriormente, com o auxílio do MySQL, um banco de dados local foi criado para adicionar as informações anotadas obtidas através do PRG-Wiki e a realização de uma tabela contendo informações dos genes ortólogos provenientes da tabela "Annotation". Os resultados tabulados obtidos com o alinhamento do BLAST foram filtrados devido à presença de informações repetidas. Com isso, observou-se o prevaletimento de genes R das classes CNL, N, NL e RLP entre as sequências das espécies comparadas com *Zea mays mays*, totalizando a identificação de 413 genes. Para o *Sorghum bicolor* foi encontrado genes R em todas as classes, totalizando 314 genes e a comparação entre *Zea mays mays* e *Zea mays* subsp. *parviglumis*, totalizou 43 genes R. As outras espécies apresentaram menos de 20 genes R comuns a *Zea mays mays*. A partir desses resultados foi possível identificar que o *Sorghum bicolor* possui um compartilhamento de genes de resistência considerável com o milho e que são poucos os genes R comuns entre o milho e as espécies ancestrais mais prováveis. Provavelmente, mais genes R seriam encontrados caso tivesse disponível o transcriptoma completo dessas espécies. Serão necessários outros estudos para identificar a função desses genes e relacioná-los com a história evolutiva destas espécies.

Palavras-chave: Bioinformática. Genes de Resistência. Milho.

Agradecimentos: À Pró-Reitoria de Pós-Graduação e Pesquisa (PROPP) da Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD).