



Evento	Salão UFRGS 2022: SIC - XXXIV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2022
Local	Campus Centro - UFRGS
Título	Análise genômica de Cannabis sativa e indica para descoberta de SNPs relacionados ao quimiotipo e origem geográfica
Autor	JULIANA GABRIELA PASSINATO COELHO
Orientador	MARCIO DORN

Devido ao histórico de cruzamento da maconha, muitas variantes com diferentes aspectos existem, dificultando sua classificação. A mais conhecida classificação do gênero *Cannabis* se dá em três espécies: *C. sativa*, *C. indica* e *C. ruderalis* e estão supostamente associados com suas características químicas e origens geográficas. *C. sativa* é a mais popularmente usada como droga ilícita, e após uma apreensão pelas autoridades, tal confirmação é dada pela realização de teste cromatográfico para a presença de tetrahydrocannabinol. Entretanto, esse tipo de abordagem não reflete a origem geográfica, sendo estas informações de amplo interesse e aplicabilidade forense. Considerando o exposto, o objetivo desse trabalho é descobrir polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) para seu uso como marcadores moleculares capazes de identificar indivíduos, realizar inferência geográfica e quimiotipo, de forma a dar suporte na resolução de crimes. Para isto, serão usados dados de sequenciamento depositados no *National Center for Biotechnology Information* (NCBI), *BioProject*. Dentre as amostras selecionadas, há 13 quimiovariantes provenientes de 20 localidades. Para o download e conversão dos dados, foram usadas as ferramentas *prefetch* e *fastq-dump*, respectivamente. O software *FastQC* foi utilizado para avaliar a qualidade dos dados brutos, seguido pela submissão destes no software *Trimmomatic v0.39* para a remoção de bases de baixa qualidade e sequências sintéticas remanescentes. A chamada de variantes está sendo realizada conforme pipeline do software *GATK* para análises de dados genômicos. A etapa atual consiste na análise da qualidade do alinhamento e recalibração da qualidade das bases pelo software *BaseRecalibrator*, seguido pela chamada de variantes, realizada pelo software *HaplotypeCaller*, ambos implementados no *GATK*. As perspectivas futuras são formar um painel multiplex de SNPs, possível de ser aplicado pelas autoridades e armazenar os dados gerados em um banco de dados específico para a comunidade científica.