

Agronomia

## **Análise molecular de genes MATE candidatos envolvidos na exsudação de ácido cítrico em *Eucalyptus grandis***

Wagner Henrique Barros da Silva - 10º módulo de Agronomia, UFLA, bolsista PIBIC/FAPEMIG

Lorrana Verdi Flores - Coorientadora, Pós-graduanda em Biotecnologia Vegetal, UFLA

Mark Melo Martins - Coorientador, Pós-graduando em Biotecnologia Vegetal, UFLA

Luciano Vilela Paiva - Orientador DQI, UFLA - Orientador(a)

### **Resumo**

Minas Gerais desempenha um papel fundamental na produção florestal. No entanto, tanto em Minas Gerais, como em grande parte do país, a produtividade da vegetação é prejudicada pelo solo ácido que torna solúvel o alumínio, o qual é tóxico para as plantas. A identificação de genes fundamentais que regulam a exsudação de ácido cítrico, responsável por neutralizar o alumínio no solo, desempenha um papel crucial para aumentar o rendimento e a sustentabilidade do plantio de eucalipto, favorecendo o meio ambiente e a indústria florestal. O objetivo deste trabalho consiste em identificar por meio de métodos "in silico" os representantes da família gênica MATE responsáveis pelo transporte de ácido cítrico em *E. grandis*. Após a obtenção do proteoma de 5 espécies de plantas (*Arabidopsis thaliana* TAIR10, *Brassica rapa*, *Medicago truncatula*, *Solanum lycopersicum* ITAG5.0 e *E. grandis*) presentes no banco de dados Phytozome, esses foram submetidos à busca de domínio conservado, característico da Família MATE por meio da ferramenta hmmscan e o perfil dos domínios foi determinado utilizando o programa cath-resolve-hits. Após a seleção de sequências em cada espécie, foram realizadas análises visando a reconstrução filogenética desta família, utilizando os programas de alinhamento MAFFT, de edição do alinhamento ClAlign e de reconstrução da árvore filogenética IQ-TREE. Adicionalmente, foram coletados dados de localização subcelular, peptídeos de sinalização, domínios transmembranares e propriedades físico-químicas das sequências proteicas, utilizando as ferramentas DeepLoc2, Signalp6 e DeepTMHMM, respectivamente. Após a obtenção dos dados filogenéticos da família MATE nessas espécies, identificou-se 93 representantes desta em *E. grandis*, entre os quais 2 agruparam-se no mesmo clado do AtMATE, um membro caracterizado. Dentre os 2 candidatos, o EgrEucgr.J00768.1.p apresentou 12 domínios transmembranares e localização subcelular na Membrana Celular, o mesmo perfil do AtMATE, enquanto o EgrEucgr.A02386.1.p apresenta somente 10 domínios transmembranares e localização subcelular no Lisossomo/Vacúolo. Conclui-se que, por meio de técnicas de identificação in silico é possível discriminar entre os melhores candidatos. A diferença no perfil entre os dois candidatos sugere a possibilidade de diferentes modos de ação no processo de extrusão do ácido cítrico, tornando o EgrEucgr.J00768.1.p o candidato mais promissor devido à sua semelhança com o AtMATE.

Palavras-Chave: Ácido cítrico, Genes MATE, Exsudação.

Instituição de Fomento: FAPEMIG

Link do pitch: [https://youtu.be/X0TjJSm5yyI?si=0HFluNwIVENyAwA\\_](https://youtu.be/X0TjJSm5yyI?si=0HFluNwIVENyAwA_)