

Ciências Biológicas

## **Caracterização in silico de genes e proteínas MLO indicam candidatos à suscetibilidade ao oídio em quatro espécies de importância agrônômica**

Yasmin Maciel Meireles Costa - 8o módulo de ciências Biológicas Licenciatura, UFLA, bolsista PIBIC/CNPq.

Welison Andrade Pereira - Orientador DBI, UFLA. - Orientador(a)

### **Resumo**

O oídio é uma doença vegetal amplamente disseminada, causada por mais de 800 espécies de fungos ascomicetos da ordem Erysiphales, que afeta uma vasta gama de plantas, tanto monocotiledôneas quanto dicotiledôneas. Em condições favoráveis, pode causar danos significativos às cultivares, inclusive antes do florescimento, tornando o monitoramento desse patossistema essencial. Este projeto teve como objetivo realizar uma análise genômica detalhada da família de genes MLO (Mildew Locus O) em quatro espécies vegetais de importância econômica: alface, caju, mamão e girassol. Essas espécies foram selecionadas devido à sua suscetibilidade ao oídio e à ausência de estudos anteriores sobre esses genes, usando como base outras espécies para as quais essa família de genes já foi estudada: feijão-comum, soja, cevada, arroz, trigo e milho. Inicialmente, os dados dos genes e proteínas MLO foram obtidos a partir do Phytozome. Com base nesses dados, foram estabelecidas relações filogenéticas entre os MLOs de diferentes espécies, levando em consideração as principais características dos genes e proteínas. Para os genes, foram analisados os tamanhos dos transcritos e das sequências codificantes (CDS), o número e o tamanho dos íntrons e éxons, bem como a posição cromossômica de cada gene. Em relação às proteínas, foram identificados a presença de domínios, o número de passagens pela membrana, os motivos estruturais e a localização subcelular. A análise identificou 67 genes MLO nas espécies *Anacardium occidentale* (19), *Carica papaya* (7), *Helianthus annuus* (25) e *Lactuca sativa* (16). Estes genes foram agrupados em sete clados bem definidos, dos quais 23 foram localizados nos clados IV, V e VI, conhecidos por conterem proteínas associadas à suscetibilidade ao oídio. As proteínas MLO apresentaram características típicas de proteínas de suscetibilidade, como o domínio MLO (Pfam 03094), sete passagens pela membrana, localização subcelular na membrana plasmática e a presença de motivos estruturais conservados. Com estes resultados, formou-se uma base para a continuidade deste estudo, no intuito de confirmar a participação dos genes identificados nesta etapa do projeto, e sugerir que sejam considerados em programas de melhoramento genético visando plantas resistentes ao oídio.

Palavras-Chave: Powdery mildew, Análise genômica, Família de genes MLO.

Instituição de Fomento: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

Link do pitch: <https://youtu.be/PI-AyI8jXQo>