

VARIAÇÃO NATURAL DE METABÓLITOS SECUNDÁRIOS PRESENTES EM FOLHAS DE EUCALYPTUS NO CHILE

Lisette Basoalto¹; Freddy Mora-Poblete^{1*}; Daniel Mieres-Castro¹

¹Instituto de Ciencias Biológicas, Universidad de Talca, Talca 3465548, Región del Maule, Chile. *E-mail: morapoblete@gmail.com.

As plantas sintetizam metabólitos secundários como parte de sua adaptação evolutiva às condições ambientais, permitindo-lhes melhorar sua interação com fatores de estresse bióticos e abióticos. Esses compostos podem ser fenólicos (ex. flavonóides), terpenóides (ex. cineol) ou nitrogenados (ex. glicosídeos cianogênicos (CNgIcs)), e desempenham funções estruturais, aromatizantes, de defesa, etc. Recentemente, diferentes CNgIcs de *Eucalyptus* têm sido propostos como potenciais compostos bioativos contra o câncer. Os objetivos deste trabalho foram caracterizar a variação natural de CNgIcs, açúcares solúveis totais (TSS) e prolina (PRO), realizar estudos de associação genômica, e avaliar modelos de predição em populações naturais *ex situ* de *Eucalyptus cladocalyx*, no Chile. Para isso, folhas maduras de ~300 árvores adultas foram coletadas, e processadas em laboratório. Modelos de predição genômica baseados em Regressão Bayesiana (BRR) foram utilizados para estimar os efeitos de marcadores SNPs (polimorfismos de nucleotídeo único) e blocos de haplótipos. Além disso, a refletância espectral da folha (350-2500 nm) foi incluída nos modelos genômicos. Os resultados mostraram que as concentrações foliares de CNgIcs variaram entre 0 e 1.54 mg g/peso seco. O teor de SST variou de 12.1 a 18.9 mg/cm² e PRO entre 2.1 e 5.9 μmol g/peso fresco. O estudo de associação revelou que o conteúdo de CNgIcs foi fortemente associado a genes que codificam proteínas do citocromo P450 e a genes envolvidos na detoxificação celular de cianeto de hidrogênio (β- cianoalanina sintase e cianoalanina nitrilase). O conteúdo de TSS e PRO foi relacionado a genes envolvidos em seu transporte, biossíntese e/ou catabolismo. Os modelos de predição baseados em haplótipos tiveram maior poder preditivo do que a abordagem baseada em SNPs para CNgIcs. As previsões baseadas em haplótipos tiveram um poder preditivo de 0.47, 0.65 e 0.71 para CNgIcs, PRO e TSS, respectivamente. Modelos de predição que incluíram a refletância espectral tiveram melhor acurácia de predição comparado com modelos de predição baseados em marcadores moleculares. Modelos preditivos do conteúdo de metabólitos secundários podem gerar um impacto positivo no melhoramento genético de *Eucalyptus* e na produção de sementes de alto valor genético para a produção de compostos bioativos de interesse científico e industrial.

Palavras-chave: *Eucalyptus*; glicosídeos cianogênicos; metabólitos secundários; modelos de predição integrados.

Agradecimentos: F.M.-P. agradece a FONDECYT 1201973 por financiar esta pesquisa. D.M.-C. agradece a FONDECYT 3220576 por financiar sua pesquisa de pós-doutorado.