



Maria Camila Diaz-Rodriguez <sup>1</sup>; Andreza Mattoso da Cunha <sup>1</sup> ; Gabriely Santos de Oliveira <sup>1</sup> ;  
Diego Mauricio Riaño-Pachón <sup>1,2,3</sup>

<sup>1</sup>Computational, Evolutionary and Systems Biology Laboratory - Center for Nuclear Energy in Agriculture - University of São Paulo - Piracicaba - São Paulo - Brazil.

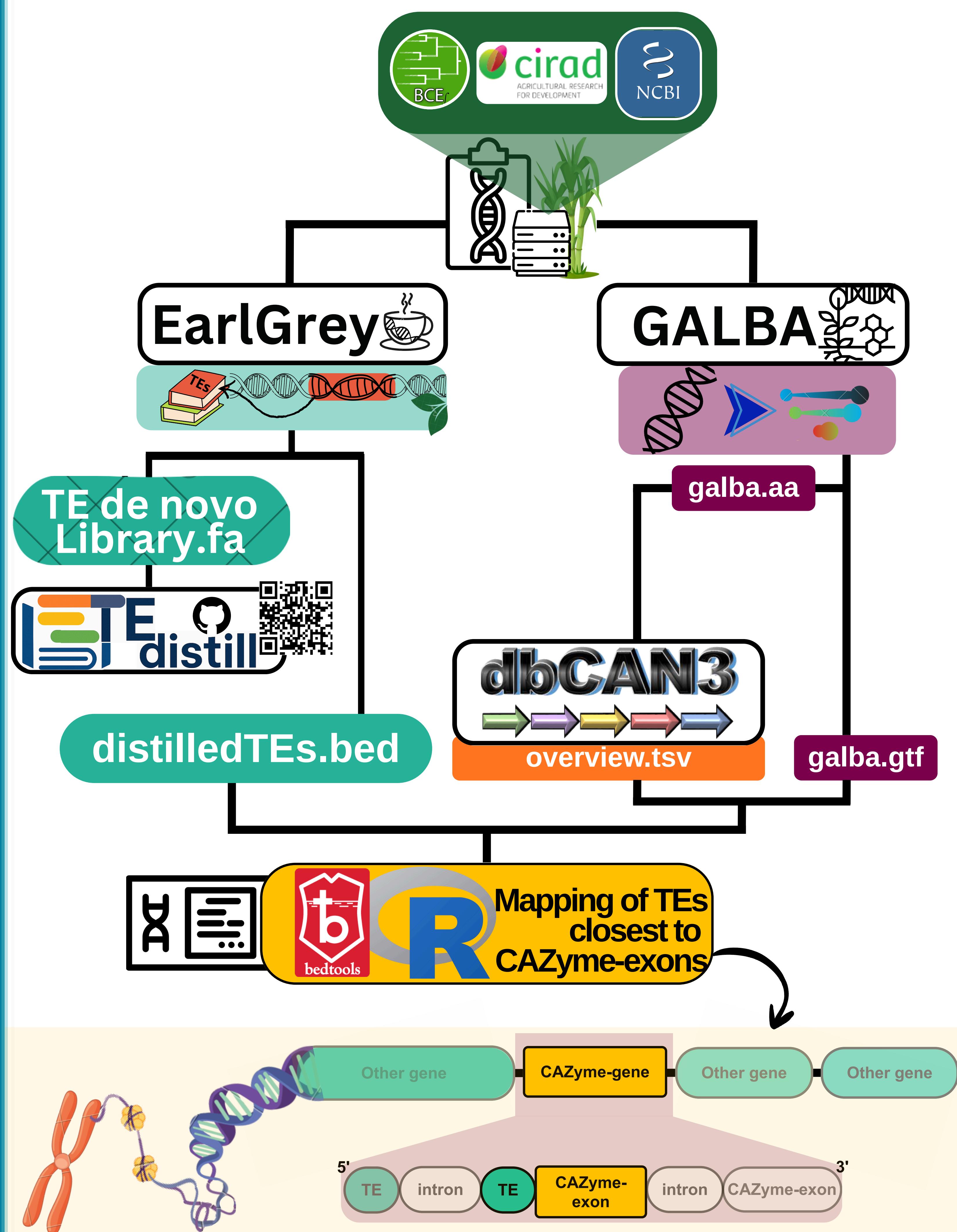
<sup>2</sup>National Institute of Science and Technology of Bioethanol - São Paulo - Brazil.

<sup>3</sup>Research Centre for Greenhouse Gas Innovation - São Paulo - Brazil.

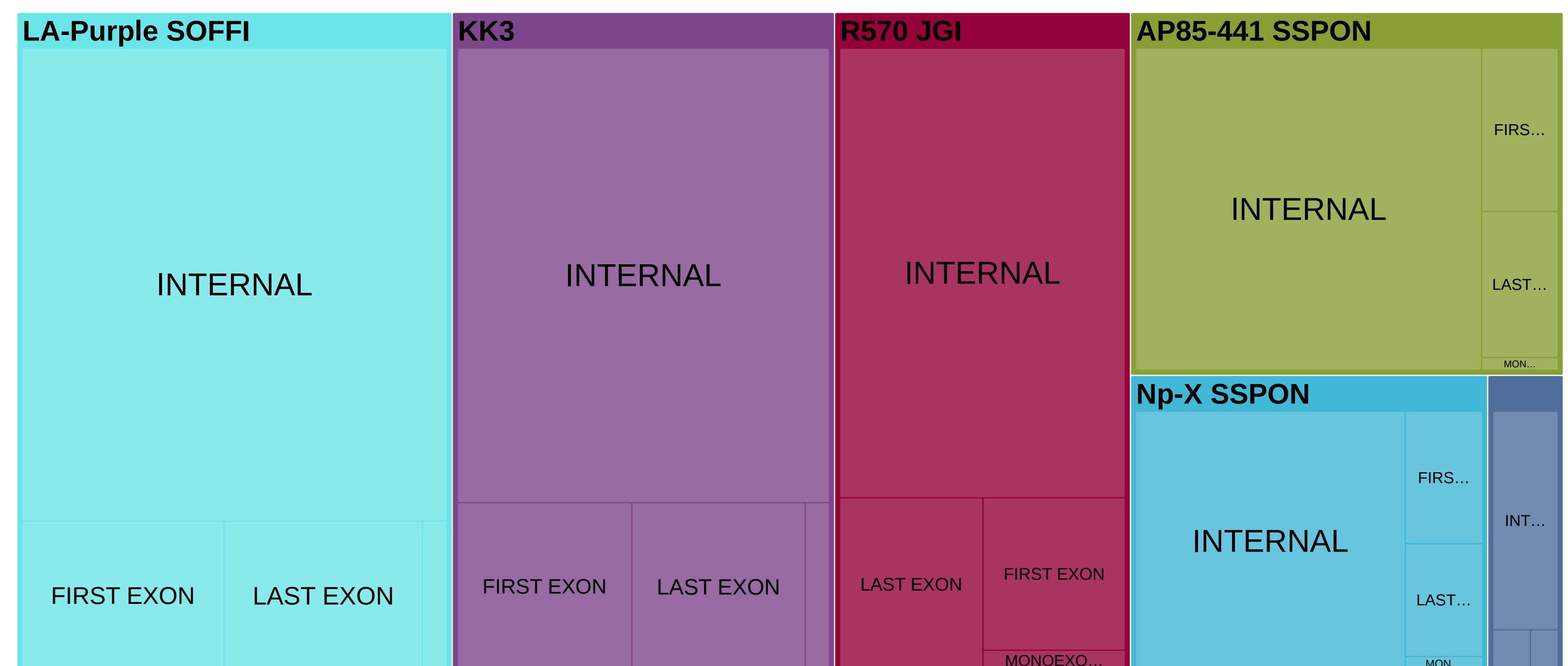
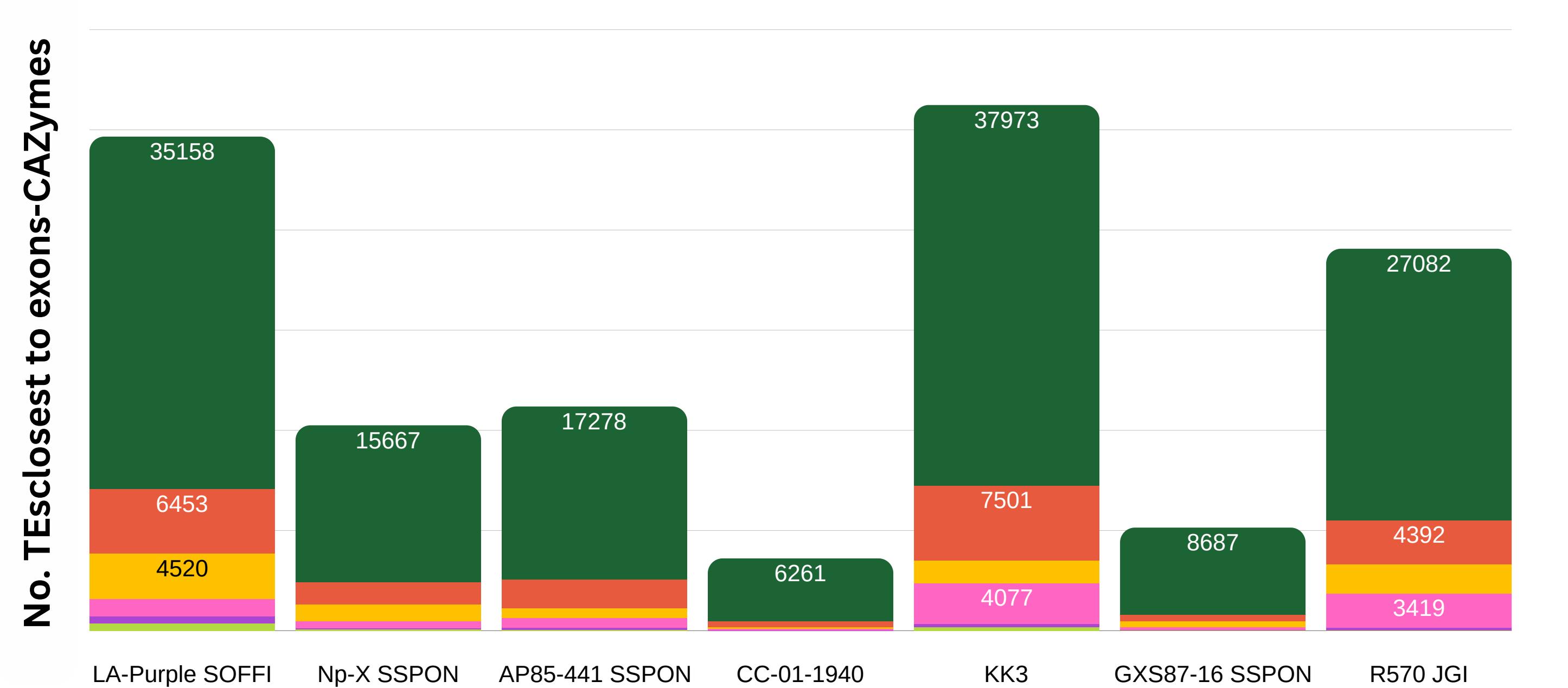
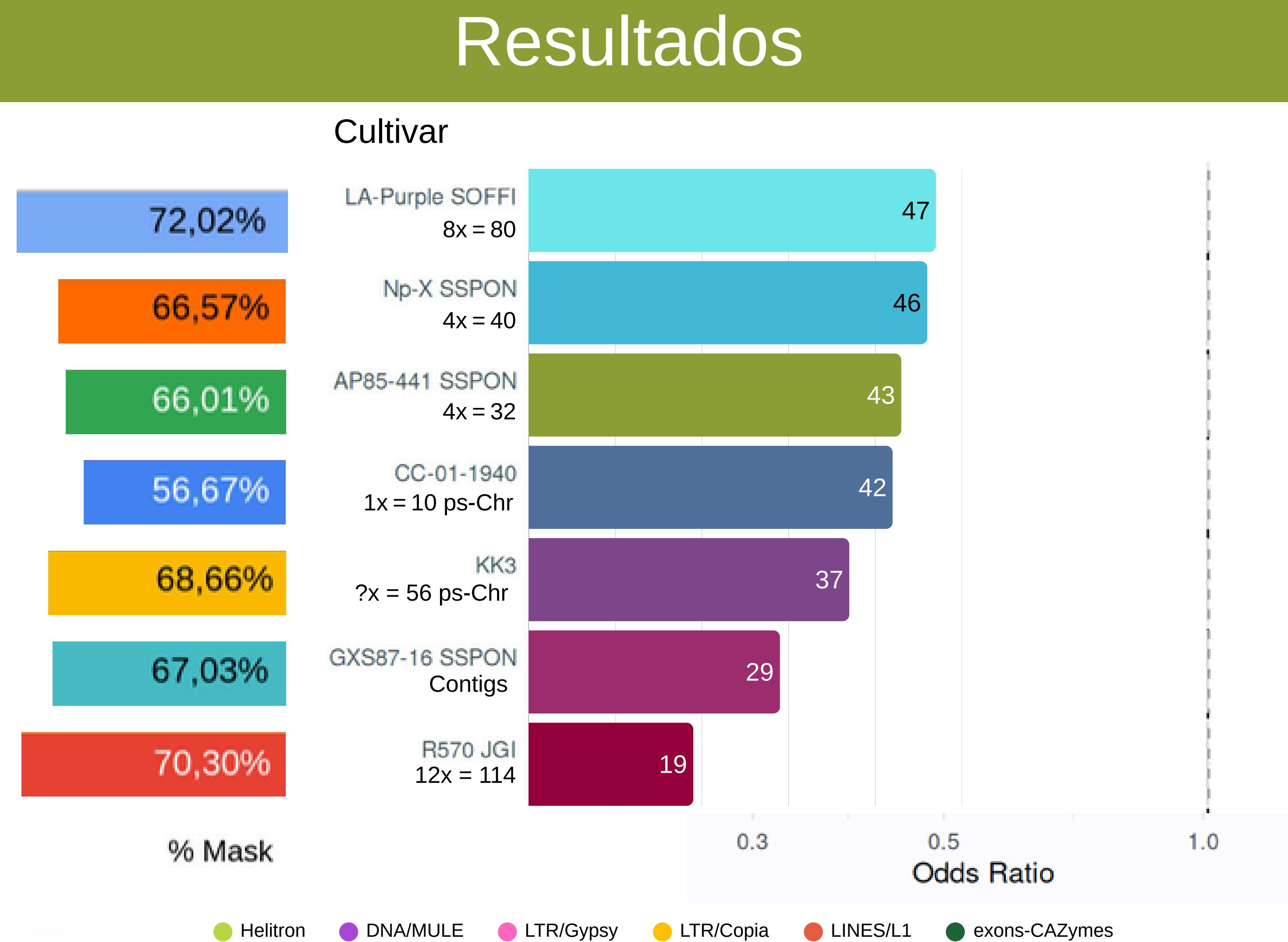
# Introdução / Background

O estudo dos genes codificadores de enzimas CAZymes tem ganhado destaque no Brasil por permitir compreender como a cana-de-açúcar controla a arquitetura da parede celular e o metabolismo de açúcares — aspectos fundamentais para o melhoramento genético voltado à produtividade, sustentabilidade e eficiência industrial. Apesar dos esforços empreendidos em diversos programas de melhoramento, a cana-de-açúcar, por apresentar um genoma autoalopoliplóide, tem se mostrado um organismo de elevada complexidade para estudos genéticos, sobretudo por possuir mais de 56% de seu genoma constituído por sequências repetitivas. Contudo, com os avanços das tecnologias de sequenciamento e a disponibilização, nos últimos anos, de genomas de referência em nível cromossômico, tornou-se viável investigar a dinâmica dos elementos transponíveis (TEs) em diferentes cultivares, considerando que essas sequências repetitivas podem atuar como fonte de variabilidade evolutiva e funcional nos híbridos comerciais.

# Material e métodos



# Agradecimentos



# Conclusão

A frequência de TEs próximos a exons-CAZymes difere significativamente daquela observada em outros exons. Esse padrão indica que a co-localização não é aleatória, ressaltando a importância da estabilidade dos genes CAZymes para o desenvolvimento da planta. A superfamília LINE/L1 foi a mais abundante nas proximidades dos exons internos dos genes CAZymes, destacando-se por seu papel na evolução genômica e por seus possíveis efeitos sobre a regulação gênica. Esses resultados reforçam a relevância dos TEs na arquitetura genômica da cana-de-açúcar, contribuindo para o entendimento das interações entre variabilidade estrutural e funções metabólicas de interesse agrícola, além de evidenciar a necessidade de estudos adicionais voltados a esclarecer a relação específica de determinadas famílias de TEs com genes CAZymes.