



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2015: SIC - XXVII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2015
<b>Local</b>	Porto Alegre - RS
<b>Título</b>	Identificação e caracterização de genes pertencentes à família PLAC8 e seu potencial papel frente a condições de estresse biótico e abiótico em plantas.
<b>Autor</b>	NATHÁLIA CASSIA FERREIRA DIAS
<b>Orientador</b>	ALEXANDRO CAGLIARI
<b>Instituição</b>	Universidade Estadual do Rio Grande do Sul

**Título do trabalho: Identificação e caracterização de genes pertencentes à família PLAC8 e seu potencial papel frente a condições de estresse biótico e abiótico em plantas.**

Autora: Nathália Dias

Orientador: Alexandro Cagliari

Instituição: Universidade Estadual do Rio Grande do Sul (UERGS)

Inúmeras pesquisas vêm sendo realizadas a fim de buscar cultivares mais resistentes à condições de estresse de espécies vegetais importantes para a alimentação humana. Sabe-se que as mudanças bioquímicas e fisiológicas que ocorrem em plantas sob condições de estresse estão relacionadas com alterações na expressão gênica. Um dos mecanismos envolvidos na resposta celular a condições de estresse é a morte celular programada. Dentre as diversas famílias gênicas possivelmente relacionadas com a morte celular programada, uma das menos estudadas é a família PLAC8. Buscando contribuir com o conhecimento do papel desta família, o presente trabalho iniciou-se através da busca de genes PLAC8 relacionados à regulação da morte celular programada utilizando como isca duas sequências proteicas de PLAC8 de *Arabidopsis thaliana*, descrita na literatura. Foi realizado BLAST, através do banco de dados PHYTOZOME (<http://phytozome.jgi.doe.gov/>), identificando um total de 307 genes em plantas que contem o domínio PLAC conservado. Observou-se a presença de domínio conservado PLAC em todos os 307 genes das espécies analisadas. Através do uso do software MEGA 6 ([megasoftware.net/](http://megasoftware.net/)) realizou-se o alinhamento das sequências codificantes e sua posterior tradução em aminoácidos. Posteriormente foi realizada análise filogenética dos genes identificados utilizando inferência Bayesiana através do software BEAST. Buscando encontrar genes potencialmente úteis para uso em transformação genética de plantas, realizou-se através da ferramenta GENEVESTIGATOR ([geneinvestigator.com](http://geneinvestigator.com)) as análises de expressão em diferentes órgãos e condições de estresse em plantas. Os resultados demonstraram que muitos dos genes identificados tem sua expressão modulada tanto em condições de estresse biótico quanto abiótico. Através da ferramenta TMHMM ([cbs.dtu.dk/services/TMHMM/](http://cbs.dtu.dk/services/TMHMM/)), que prediz a existência do domínio transmembrana, identificou-se que a maioria dos genes de soja (*Glycine max*) e *A.thaliana*, apresentam um domínio transmembrana em sua sequência proteica. A predição de localização subcelular das proteínas codificadas pelo gene PLAC8 nas espécies estudadas, utilizando a ferramenta TargetP ([cbs.dtu.dk/services/SignalP/](http://cbs.dtu.dk/services/SignalP/)), mostrou uma possível localização mitocondrial em 3 dentre os 21 genes analisados. Foi realizado a modelagem de proteína por homologia, utilizando o SwissModel (<http://swissmodel.expasy.org/>) como . O objetivo geral deste projeto foi combinar estratégias de bioinformática, valendo-se de ferramentas para análises *in silico*, a fim de identificar genes que respondem a condições de estresse, analisando filogeneticamente esses genes, além de estudar detalhadamente a família proteica e seu domínio PLAC conservado.