

Débora Bublitz Anton¹, Andreia C. Turchetto-Zolet²

¹Biotecnologia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)

²Departamento de Genética, Núcleo de Genômica e Evolução de Populações Naturais, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)

INTRODUÇÃO

Estresses ambientais podem ser muito prejudiciais às plantas, limitando seu crescimento. O aminoácido prolina já foi demonstrado ser importante na defesa contra tais estresses, pois seu acúmulo pode conferir resistência a seca e salinidade. Os genes P5CS (delta 1-pyrrolina-5-carboxylato sintase) em plantas codificam uma enzima bifuncional, responsável por catalisar uma reação limitante da biossíntese de prolina. A maioria das plantas possui dois desses genes (P5CS1 e P5CS2), enquanto algumas espécies apresentam apenas um gene.

Eugenia uniflora L. (Myrtaceae) é uma espécie que ocorre naturalmente nos domínios da Mata Atlântica, podendo ser encontrada em matas ciliares no Rio Grande do Sul e regiões de restinga no sudeste e nordeste do Brasil.



Figura 1. *Eugenia uniflora* L.

Esses ambientes são bastante contrastantes em termos de clima, composição de solo, aporte de nutrientes e disponibilidade de água. A plasticidade adaptativa a esses ambientes heterogêneos faz desta espécie um modelo natural para o entendimento sobre mecanismos de adaptação. Tais mecanismos podem estar relacionados à presença de genes de respostas a estresses ambientais como, por exemplo, o gene P5CS.

OBJETIVO

O presente trabalho tem como objetivo caracterizar o gene P5CS em *E. uniflora*.

MÉTODOS

Transcritoma e 1ª versão do genoma de *E. uniflora*

Identificação do gene P5CS através do uso de ferramentas de bioinformática: F-genes, ORFfinder, BLAST e scripts de Perl.

Validação da sequência dos éxons através do ancoramento dos reads de uma biblioteca de RNAseq de folha de *E. uniflora* na sequência predita.

Análises comparativas da sequência de P5CS identificada em *E. uniflora*: BLAST no Phytozome (<http://phytozome.jgi.doe.gov/pz/portal.html>), análise da estrutura gênica e proteica e filogenéticas.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A partir das análises realizadas, foi identificado e validado um gene P5CS no genoma de *E. uniflora* com uma estrutura gênica de 20 éxons, similar a estrutura observada no P5CS de *Eucalyptus grandis* e *Arabidopsis thaliana* (Figura 2).

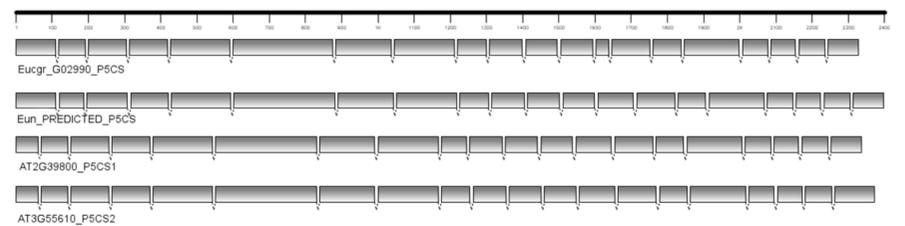


Figura 2. Estrutura e organização dos genes P5CS de *Eugenia uniflora*, *Eucalyptus grandis* e *Arabidopsis thaliana*. Retângulos cinza representam os éxons.

A sequência predita da proteína expressa pelo gene P5CS de *E. uniflora* tem um comprimento de 734 aa e apresenta os domínios PF00171 (aldehyde dehydrogenase family) e PF00696 (amino acid kinase family), os quais estão conservados e presentes no P5CS de outras espécies de plantas (Figura 3).

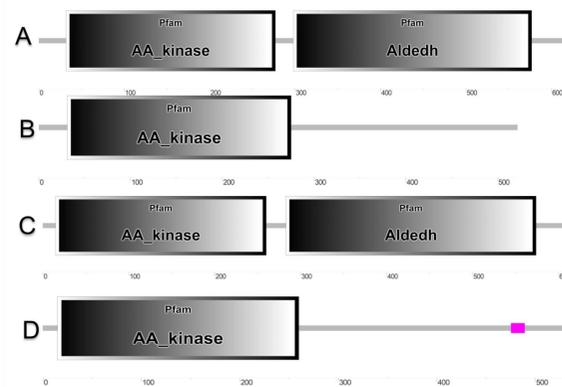


Figura 3. Domínios identificados na sequência proteica dos genes P5CS de (A) *Eugenia uniflora*, (B) *Eucalyptus grandis* (C) P5CS1 de *Arabidopsis thaliana* e (D) P5CS2 de *A. thaliana* utilizando o banco de dados do PFAM.

A análise filogenética utilizando a sequência proteica do P5CS predito para *E. uniflora* e P5CS de outras espécies de plantas revelou que o P5CS de *E. uniflora* é proximamente relacionado com P5CS de *E. grandis* (Figura 4).

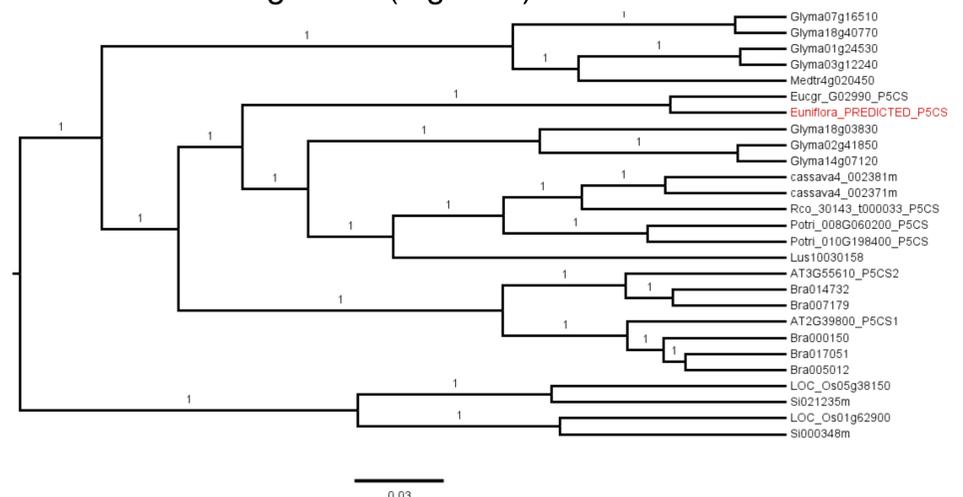


Figura 4. Análise Filogenética dos genes P5CS de plantas. P5CS identificado em *E. uniflora* está mostrado em vermelho. Os valores de probabilidade posterior estão mostrados acima dos ramos.

CONCLUSÕES

A identificação e caracterização de P5CS de *E. uniflora* será de extrema importância para conduzir futuros estudos que possam auxiliar na compreensão dos mecanismos adaptativos dessa espécie.