



Evento	Salão UFRGS 2015: SIC - XXVII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2015
Local	Porto Alegre - RS
Título	Identificação e Caracterização in silico do gene P5CS (delta 1-pyrrolina-5-carboxylato sintase) em Eugenia uniflora L
Autor	DÉBORA BUBLITZ ANTON
Orientador	ANDRÉIA CARINA TURCHETTO ZOLET

Identificação e Caracterização *in silico* do gene P5CS (delta 1-pyrrolina-5-carboxylato sintase) em *Eugenia uniflora* L.

Débora Bublitz Anton, Andreia Carina Turchetto Zolet
Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Estresses ambientais podem ser muito prejudiciais às plantas, limitando seu crescimento. Entretanto, a presença do aminoácido prolina demonstrou em diversos estudos ser importante na defesa contra estresses ambientais. A prolina desempenha papéis multifuncionais na planta e seu acúmulo pode conferir resistência a seca e salinidade, por exemplo. 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. Dessa forma, estudar esses genes em plantas é um passo importante para compreensão da resistência e adaptação das mesmas em regiões onde as condições ambientais são adversas. *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. Esses ambientes são bastante contrastantes em termos de clima, composição de solo, aporte de nutrientes e disponibilidade de água. A restinga, por exemplo, é um ambiente inóspito onde o solo é arenoso, com pouca disponibilidade de água e alta salinidade. 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. O presente trabalho tem como objetivo caracterizar o gene P5CS em *E. uniflora*. Para a identificação do gene P5CS foram utilizados o transcriptoma e uma primeira versão da montagem do genoma de *E. uniflora*. A identificação e predição do gene foram feitas utilizando ferramentas de bioinformática, tais como o F-genes, ORFfinder, BLAST e scripts de Perl. Análises comparativas de sequências de P5CS identificadas em outras espécies por BLAST no Phytozome foram realizadas através de ferramentas de análise da estrutura gênica e filogenéticas. Além disso, a sequência dos éxons foi validada ancorando os *reads* de uma biblioteca de RNAseq de folha de *E. uniflora* na sequência predita. A partir das análises realizadas, foi identificado e validado apenas um gene P5CS no genoma de *E. uniflora* com uma estrutura gênica de 19 éxons, similar a estrutura observada no P5CS de *Eucalyptus grandis* e *Arabidopsis thaliana*. A sequência predita da proteína expressa pelo P5CS de *E. uniflora* tem um comprimento de 734 aa e apresenta os domínios PF00171 (*aldehyde dehydrogenase family*) e PF00696 (*amino acid kinase family*) de PFAM, os quais estão conservados e presentes no P5CS de outras espécies de plantas. 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*. 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. Análises da atividade enzimática e padrão de expressão em *E. uniflora*, bem como análises de evolução molecular desse gene em plantas serão realizadas utilizando as informações desse trabalho.