



XXXIII SIC SALÃO INICIAÇÃO CIENTÍFICA

Evento	Salão UFRGS 2021: SIC - XXXIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2021
Local	Virtual
Título	Avaliação estrutural dos transportadores vesiculares de glutamato em Peixe-Zebra (D. rerio)
Autor	ALANIS SILVA MELGAREJO
Orientador	DIOGO LOSCH DE OLIVEIRA

Avaliação estrutural dos transportadores vesiculares de glutamato em Peixe-Zebra (*D. rerio*).

Alanis Silva Melgarejo¹², Thainá Garbino dos Santos²³ e Diogo Losch de Oliveira²³.

1 Ciências Biológicas, Instituto de Biociências, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Porto Alegre, RS, Brasil.

2 Laboratório de Neuroquímica Celular, Departamento de Bioquímica, Instituto de Ciências Básicas da Saúde, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Porto Alegre, RS, Brasil.

3 Programa de Pós Graduação em Ciências Biológicas: Bioquímica, Instituto de Ciências Básicas da Saúde, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Porto Alegre, RS, Brasil.

O transporte vesicular de glutamato é o mecanismo pelo qual ocorre o preenchimento das vesículas sinápticas com o neurotransmissor glutamato. Este transporte é mediado por proteínas presentes nas membranas das vesículas sinápticas, denominadas de transportadores vesiculares de glutamato (vGluT). Em mamíferos, até o presente momento foram descritas três isoformas de vGluT pertencentes à família gênica SLC17. Em peixe-zebra foram identificadas as sequências gênicas e proteicas para as três isoformas de vGluT, pertencentes à mesma família gênica. Entretanto, existem poucos estudos sobre a estrutura e processo evolutivo de vGluT em peixe-zebra. Deste modo, os objetivos deste trabalho foram: (1) realizar uma análise preditiva *in silico* da estrutura e conformação dos vGluT de peixe-zebra e (2) realizar uma análise filogenética dos vGluT. As sequências de aminoácidos para vGluT foram obtidas a partir do NCBI Protein; o alinhamento das sequências foi realizado com o servidor GUIDANCE2 e a reconstrução filogenética, das três isoformas de vGluT de 14 espécies animais, foi realizada com MEGA-X. As sequências dos vGluT foram utilizadas para construir as estruturas tridimensionais com I-TASSER e a visualização molecular e conservação foram realizadas com UCSF Chimera. O alinhamento demonstrou que as sequências de aminoácidos dos vGluT são bastante conservadas entre as diferentes espécies, e que todas possuem os resíduos de ligação de substrato e resíduos de arginina, essenciais para a atividade proteica. Na reconstrução filogenética foi possível observar que as sequências das três isoformas de vGluT agruparam, majoritariamente, de forma coesa. Por fim, a partir das estruturas tridimensionais, foi possível observar a conservação e características das estruturas. As três isoformas de vGluT de *D. rerio* possuem suas sequências bem conservadas e mostram similaridades com o vGluT de *R. norvegicus*. A partir destes resultados foi possível consumir a análise filogenética dos vGluT, assim como a análise *in silico* de suas estruturas e conformações.