



Evento	Salão UFRGS 2014: SIC - XXVI SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2014
Local	Porto Alegre
Título	Identificação e análise evolutiva da família Metacaspase em Viridiplantae
Autor	DAVID GABRIEL DOS SANTOS FAGUNDES
Orientador	ALEXANDRO CAGLIARI
Instituição	Universidade Estadual do Rio Grande do Sul

A morte celular programada (PCD) é um organizado e geneticamente controlado processo de suicídio celular em resposta à condições de estresse. A PCD ocorre em todos os eucariotos e é essencial para o desenvolvimento e sobrevivência contra a invasão de patógenos e outros estímulos externos. Metacaspases são uma família de proteínas semelhantes às caspases que estão envolvidas com a resposta à PCD em animais. Genes metacaspases foram identificados em plantas, fungos e protozoários. Metacaspases em plantas são classificadas em tipo I e tipo II, com base na sua estrutura proteica. As metacaspases do tipo I podem ou não apresentar um pró-domínio rico em prolina/glutamina e um motivo dedo de zinco na região *N*-terminal e, necessariamente, possuem um domínio metacaspase na região *C*-terminal. Metacaspases Tipo II não possuem o pró-domínio e o motivo dedo de zinco e possuem uma longa região ligante (Linker) entre as subunidades catalíticas do domínio metacaspase. Com o objetivo de identificar os genes metacaspases presentes em Viridiplantae, incluindo representantes de espécies monocotiledôneas, dicotiledôneas, musgos, pteridófitas e algas, as sequências codificantes das proteínas metacaspases melhor caracterizadas e presentes em *Arabidopsis thaliana* foram usadas como iscas para buscas usando a ferramenta BLAST (tBLASTx e BLASTN) realizadas contra o banco de dados Phytozome (<http://www.phytozome.org/>). As sequências putativas identificadas foram analisadas quanto à presença dos domínios anteriormente descritos, usando dados do próprio Phytozome. Identificamos ao todo 269 genes pertencentes ao tipo I e 117 genes pertencentes tipo II de metacaspases. Dentro do grupo de metacaspases do tipo I, identificamos 79 genes que apresentam e 190 genes que não apresentam o pró-domínio e o motivo dedo de zinco na extremidade *N*-terminal. Os domínios conservados presentes em todos os genes metacaspases foram analisados utilizando o programa MEME (<http://meme.sdsc.edu/meme/>). A análise filogenética usando as sequências consenso completas das proteínas metacaspases identificadas foi realizada a fim de verificar a relação filogenética entre os genes identificados, buscando contribuir para um melhor entendimento sobre a evolução dessa família de genes relacionados à PCD em plantas.