



Evento	Salão UFRGS 2015: SIC - XXVII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2015
Local	Porto Alegre - RS
Título	Identificação e análise filogenética da enzima Ácido Fosfatídico Fostase e seu papel na formação de Triacilglicerois (TAGs) em algas
Autor	CAROLINA MARRONI PULGA
Orientador	ALEXANDRO CAGLIARI
Instituição	Universidade Estadual do Rio Grande do Sul

Identificação e análise filogenética da enzima Ácido Fosfatídico Fosfatase e seu papel na formação de Triacilgliceróis (TAGs) em algas

Aluna: Carolina Marroni Pulga

Orientador: Alexandro Cagliari

Universidade Estadual do Rio Grande do Sul (UERGS)

Os triglicerídeos (TAGs) são a principal forma de armazenamento de lipídios nos seres vivos. TAGs são de grande importância nutricional, sendo uma fonte comum de óleos para fins alimentares (consumo humano) e industriais. A formação dos TAGs depende de várias enzimas, dentre elas a Ácido Fosfatídico Fosfatase (PAP). A enzima PAP catalisa a defosforilação do Ácido Fosfatídico (PA) para originar sn-1,2-diacilglicerol (DAG) e fosfato inorgânico. A DAG produzida na hidrólise de PA não é apenas um precursor direto de TAG, mas também um substrato para a síntese da membrana fosfolipídica. Na síntese de glicerolipídios, a PAP aparece em ambas as formas: solúvel ou em partículas, sendo essa distribuição de acordo com o status do metabolismo celular. Utilizando os genes codificantes da enzima PAP de *Arabidopsis thaliana* como iscas para buscas de BLAST (Blastx e Blastn) contra o banco de dados Phytozome (<http://phytozome.jgi.doe.gov/pz/portal.html>) por sequências ortólogas em seis espécies de microalgas com genoma sequenciado. Através da plataforma MEME, foi averiguado o nível de conservação dos domínios de todos os genes identificados. Buscou-se prever a localização subcelular dessas proteínas através dos softwares Target P e WOLF, bem como a posição dos domínios transmembranas através dos programas TMHMM e TMPred. A árvore filogenética da família PAP foi inferida através do método de análise Bayesiana, utilizando o software BEAST. Por fim, algumas proteínas foram modeladas tridimensionalmente utilizando a plataforma SwissModel. Através dessas análises foi possível identificar e caracterizar todos os genes PAP presentes nas seis espécies de microalgas estudadas. O presente trabalho buscou contribuir para o avanço do conhecimento da produção de TAGs em microalgas, visando fornecer subsídios para a geração de bioprodutos de interesses comerciais e também a serem utilizadas na saúde e alimentação humana.