



SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA XXVIII SIC

paz no plural



Evento	Salão UFRGS 2016: SIC - XXVIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2016
Local	Campus do Vale - UFRGS
Título	Caracterização do gene P5CS (delta 1-pyrrolina-5-carboxylato sintase) de <i>Eugenia uniflora</i> L. e seu perfil de expressão sob estresse hídrico
Autor	DÉBORA BUBLITZ ANTON
Orientador	ANDRÉIA CARINA TURCHETTO ZOLET

Caracterização do gene P5CS (delta 1-pyrrolina-5-carboxylato sintase) de *Eugenia uniflora* L. e seu perfil de expressão sob estresse hídrico

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 e respostas a estresses ambientais. 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* e avaliar o padrão de expressão desse gene sob estresse hídrico. Para a identificação do gene P5CS foram utilizados o transcriptoma e uma primeira versão da montagem do genoma de *E. uniflora*, 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 filogenética. Para a análise do padrão de expressão do gene P5CS sob estresse hídrico, sementes de indivíduos provenientes de restinga e mata ciliar foram germinadas em casa de vegetação para a aplicação dos tratamentos de seca. As plantas com três meses após a germinação foram submetidas à seca por 15 dias, 25 dias e 35 dias. Folhas das plantas controle e tratadas foram coletadas e o RNA foi extraído para avaliar o perfil de expressão através da técnica de *Rt-qPCR*. A partir das análises *in silico* realizadas, foi possível identificar e validar 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*), 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 análise do padrão de expressão está em andamento. A caracterização de P5CS de *E. uniflora* e seu padrão de expressão será de extrema importância e contribuirá na compreensão dos mecanismos adaptativos dessa espécie, bem como nos mecanismos de respostas a estresses abióticos em plantas.