



| | |
|-------------------|--|
| Evento | Salão UFRGS 2020: SIC - XXXII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS |
| Ano | 2020 |
| Local | Virtual |
| Título | Identificação e caracterização de genes da família Ácido Fosfatídico Fosfatase (PAP) em Eugenia uniflora |
| Autor | MARIA EDUARDA GONCALVES LACERDA |
| Orientador | ANDRÉIA CARINA TURCHETTO ZOLET |

Identificação e caracterização de genes da família Ácido Fosfatídico Fosfatase (PAP) em *Eugenia uniflora*

Maria Eduarda Gonçalves Lacerda, Andreia Carina Turchetto-Zolet
Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Ácido Fosfatídico Fosfatase (PAP) codifica uma das quatro enzimas chaves na rota de síntese de glicerolípídeos. Catalisa a desfosforilação de um ácido fosfatídico (PA) em uma molécula de diacilglicerol (DAG), que, subseqüentemente é convertido em triacilglicerol (TAG). A biossíntese de TAG é evolutivamente conservada em todos os organismos vivos, dada a importância dessa molécula. No entanto, a diversidade de formas paralogas dos genes da biossíntese de TAG entre os diferentes organismos é fundamental para a evolução e adaptação das espécies. Este estudo tem por objetivo identificar e caracterizar os genes PAP em *E. uniflora*, uma espécie capaz de se adaptar em diferentes ambientes. Utilizou-se como referência/isca as seqüências proteicas de nove genes PAP já caracterizados em *A. thaliana* (PAP1, PAP2, PAP3, PAP4, PAP β , PAP γ , PAP ϵ 1, PAP ϵ 2, PAP δ), na realização de BLASTp no transcriptoma e rascunho do genoma de *E. uniflora*. Análises *in silico* para predições dos domínios transmembranas e análises filogenéticas foram realizadas. O BLASTp resultou em oito seqüências de putativos genes PAP de *E. uniflora*. As seqüências proteicas preditas para *E. uniflora* variaram de 153-222 aa, valores que se conectam aos referenciados para a família gênica PAP em plantas e algas. Todas as oito seqüências apresentaram domínios transmembranares, variando de 1-6 a presença deles. Relações filogenéticas entre os oito genes PAPs de *E. uniflora* identificados e seqüências dos genes PAP de *A. thaliana* e *E. grandis* possibilitou a identificação dos grupos ortólogos para cada gene identificado em *E. uniflora*. Os genes PAP de *E. uniflora* mantêm suas relações de homologia seguindo o padrão encontrados para as espécies de plantas e algas anteriormente estudadas, indicando a importância dessa família gênica em plantas de modo geral e seu potencial para compreensão de processos adaptativos em populações naturais.