

Agronomia

Novos genes com potencial para aumentar a tolerância a estresses abióticos em cana-de-açúcar

Vitor Luciano Costa da Silva - 7º módulo de Agronomia, UFLA, bolsista PIBIC/CNPq

Muhammad Noman - Coorientador DBI, UFLA

Antônio Chalfun-Junior - Orientador DBI, UFLA - Orientador(a)

Resumo

As proteínas CAMTA (Calmodulin-binding transcription activator) desempenham um papel fundamental na regulação da expressão gênica em plantas, especialmente em respostas a sinais de cálcio (Ca²⁺). Em diversas culturas agrícolas essas proteínas podem aprimorar a adaptação a estresses ambientais, promovendo maior resistência e produtividade. No entanto, ainda não existem estudos conclusivos que propõem a função dessa família de genes em cana-de-açúcar. Portanto, objetivou-se com essa pesquisa identificar e caracterizar, a nível genômico funcional, todos os possíveis genes CAMTA em cana de açúcar. Desse modo, foi utilizado o proteoma da cultivar híbrida R570, disponível no Phytozome. Em seguida, os perfis HMM dos domínios funcionais CG-1, Ank, IQ e TIG, característicos de proteínas CAMTA, foram obtidos no banco de dados PFAM e a ferramenta HMMER foi utilizada para procurar e comparar regiões genômicas que apresentam tais domínios. Com base nas sequências de aminoácidos obtidas, propriedades físico-químicas foram estimadas utilizando a ferramenta ProtParam, do ExPASy. Relações filogenéticas foram estabelecidas utilizando o software MEGAX, por meio de alinhamentos múltiplos com genes CAMTA de Sorghum bicolor, Oryza sativa, Zea mays, Triticum aestivum e Arabidopsis thaliana. Os loci dos genes obtidos foram visualizados com o software TBTools II e os potenciais alvos de miRNA ao longo dos transcritos foram preditos utilizando a ferramenta online psRNATarget. Foram obtidas 46 sequências em diferentes posições ao longo do genoma de cana-de-açúcar que apresentam os domínios funcionais característicos de proteínas CAMTA. O número de aminoácidos varia entre 841 e 1942, os pesos moleculares variam entre 94,757 kDA e 218,869 kDA, os pontos isoelétricos variam entre 5,43 e 8,34 e o GRAVY varia entre -0,609 e -0,324. Foram obtidos 7 clados distintos utilizando genes CAMTA de outras espécies e observou-se alta homologia intraespecífica para cana-de-açúcar e T. aestivum. Os genes se encontram distribuídos entre as diferentes cópias dos cromossomos. Os miRNA que podem interagir com os transcritos são o ssp-miR444a, ssp-miR396 e ssp-miR156. O estudo realizado promoveu a identificação e caracterização de 46 genes CAMTA não descritos em cana-de-açúcar, que foram denominados ScCAMTA1A-ScCAMTA7F. Os resultados obtidos são pioneiros e fornecem subsídio para investigações futuras relacionadas à obtenção de tolerância à estresses abióticos, visando atingir maiores produtividades.

Palavras-Chave: Saccharum spp., CAMTA, Estresse hídrico.

Instituição de Fomento: CNPq

Link do pitch: <https://youtu.be/Gr7G1VsvfOo>