

Ciência, Tecnologia e Inovação na Amazônia Pós-Pandemia

I SEMINÁRIO PIBEX
IV SEMINÁRIO DE ENSINO
XVIII SEMINÁRIO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA
II ED CONGRESSO UFRA VIRTUAL - UNIVERSIDADE VIVA



CARACTERIZAÇÃO PROTEICA DA FAMÍLIA DA CATALASE EM *Manihot esculenta* Crantz

Rafael da Silva Paiva¹; Michael Douglas da Silva Barros²; Aline Medeiros Lima³;

1. Bolsista PIBIC, Graduando em Licenciatura em Ciências Biológicas, Universidade Federal Rural da Amazônia, Campus Tomé-Açu, e-mail: paivarrafael@gmail.com; 2. Bolsista PIVIC, Graduando em Licenciatura em Ciências Biológicas, Universidade Federal Rural da Amazônia, Campus Tomé-Açu, e-mail: barrosmichael98@gmail.com; 3. Orientadora, Aline Medeiros Lima, Campus Tomé-Açu, Universidade Federal Rural da Amazônia, e-mail: aline.lima@ufra.edu.br.

RESUMO:

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) possui inúmeras vantagens dentre as quais se destaca a sua facilidade de propagação, tolerância a períodos secos e bom rendimento em solos de baixa fertilidade nos quais geralmente é cultivada sendo este um produto de grande importância socioeconômica, além de ser grande fonte de carboidratos e de subsistência para populações. Diante da importância da mandioca é fundamental estudar os seus mecanismos de defesa visto que, eles contribuem para a sua sobrevivência auxiliando para a sua disseminação. Um dos mecanismos de defesa das plantas são as enzimas dentre as quais se observa a catalase que foi a primeira enzima a ser descoberta e caracterizada, possuindo uma função de evitar danos à célula causada pelo acúmulo de peróxido de hidrogênio que em excesso interferem nas atividades metabólicas. Avaliando a importância da mandioca e a necessidade de estudar os seus meios de defesa este trabalho tem por objetivo identificar e caracterizar sequências proteicas da família catalase (MeCAT). As sequências de aminoácidos foram obtidas pela busca no programa *Phytozome*, por meio da palavra-chave catalase. Foi possível identificar com as buscas realizadas no *Phytozome* sete genes que possivelmente irão codificar proteínas da família da catalase na mandioca. Às sete sequências de aminoácidos identificadas foram analisadas, utilizada a ferramenta *BLAST*, quanto à similaridade com proteínas de estrutura resolvida depositadas nos bancos de dados e demonstraram ter identidade com outras sequências de catalases de outros vegetais. As sequências foram denominadas de *MeCAT* 1 a 7 conforme foram identificadas e confirmadas. A massa molecular e ponto isoelétrico das sequências de aminoácidos foram identificados no programa *ExPASy Proteomics Server*. As sequências proteicas obtidas foram utilizadas para prever a localização subcelular nesse contexto, foi possível identificar a presença considerável das proteínas no citoplasma em todos os genes analisados, como a localização subcelular está altamente correlacionada com a função biológica, é possível tirar conclusões que a partir do conhecimento da localização de uma proteína em relação ao seu papel celular. Portanto, saber a localização subcelular se torna uma ferramenta fundamental para entender a funcionalidade de uma proteína. Conclui-se por tanto que a família de genes da catalase na mandioca possuem sete genes diferentes e a caracterização contribui para identificar como estes atuam na regulação do peróxido de hidrogênio que é produzido em reações metabólicas.

PALAVRAS-CHAVE: Catalase; Genes; *Manihot esculenta* Crantz.