

**RESUMO APRESENTAÇÃO ORAL PADRÃO - CENTRO DE CIÊNCIAS DA
SAÚDE (CCS)/GENÉTICA**

**ANÁLISE DE ELEMENTOS REGULADORES NA REGIÃO PROMOTORA DE
GENES ENVOLVIDOS COM A BIOSSÍNTESE DE LIGNINA EM CANA-DE-
AÇÚCAR (*SACCHARUM SPONTANEUM*)**

Gabriel Afonso Bastos Esteves (gabriel.afonso700@gmail.com)

Douglas Jardim Messeder De Alvarenga (douglas.messeder@gmail.com)

Gilberto Sachetto Martins (gilberto_sachetto@yahoo.com.br)

Análise de elementos reguladores na região promotora de genes envolvidos com a biossíntese de lignina em cana-de-açúcar (*Saccharum spontaneum*)

GABRIEL AFONSO BASTOS; DOUGLAS JARDIM-MESSEDER; GILBERTO SACHETTO-MARTINS

Laboratório de Genômica Funcional e Transdução de Sinal, Departamento de Genética, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro

A lignina desempenha um papel crucial para o desenvolvimento e defesa das plantas, entretanto, ela representa um fator limitante para o uso biotecnológico uso da biomassa, em especial na produção de biocombustíveis a partir de material lignocelulósico. A biossíntese de lignina se dá por meio da

incorporação oxidativa de monômeros de monolignóis, sintetizados por meio da via dos fenilpropanóides. Com a publicação recente da sequência completa do genoma da cultivar *Saccharum spontaneum* (Zhang et al., 2018) os genes envolvidos com o metabolismo geral de fenilpropanóides e com o metabolismo específico de monolignóis puderam ser analisados a nível genômico. Os genes que codificam as enzimas dessa via metabólica fazem parte de 11 famílias gênicas. Estudos anteriores desenvolvidos em nosso laboratório identificaram 15 genes candidatos a desempenharem papel importante na biossíntese de lignina em cana-de-açúcar: SsPTAL1, SsPAL2, SsC4H4, Ss4CL1, SsHCT1, SsHCT2, SsC3'H1, SsC3'H2, SsCCoAOMT1, SsCOMT1, SsF5H1, SsCCR1, SsCCR2, SsCAD2 e SsCAD7. O objetivo deste trabalho é a análise in silico da região promotora dos genes indicados. As sequencias promotoras desses genes foram analisadas por meio da ferramenta online “PlantPAN 3.0” em busca de elementos reguladores da expressão gênica. Nossas análises permitiram verificar um enriquecimento de elementos já descritos como envolvidos com a regulação do processo de lignificação, como os elementos ricos em AC (AC-I, AC-II, AC-III e AC-IV), os SNBE (do inglês, secondary wall NAC binding elements) e os SMRE (do inglês, secondary wall MYB responsive elements). Nossos resultados também demonstram um maior enriquecimento de elementos reguladores envolvidos nas respostas aos fitormônios ácido abscísico (ABA) e metil jasmonato (MeJA), já demonstrados como indutores da biossíntese de lignina em culturas de célula (Pauwels et al., 2008). Nossas análises permitiram ainda a identificação de elementos reguladores da resposta a outros fitormônios, e a diferentes estímulos ambientais e do desenvolvimento. As análises de dados de expressão gênica em diferentes cultivares de cana-de-açúcar e diferentes tecidos demonstram que, de fato, os genes indicados são mais expressos em tecidos mais lignificados, reforçando a ideia de que estes genes estariam envolvidos com o processo de lignificação. Os dados aqui apresentados expandem a caracterização dos genes da via dos fenilpropanóides envolvidos com a biossíntese de lignina em cana-de-açúcar, desenvolvendo assim, uma base para futuros estudos funcionais, que poderão indicar novos alvos biotecnológicos para otimizar a produção de biocombustíveis.

REFERÊNCIAS

Zhang J, Zhang X, Tang H, Zhang Q, Hua X, Ma X, et al (2018) Allele-defined genome of the autopolyploid sugarcane *Saccharum spontaneum* L. *Nature Genetics* 50:1565-1573. doi.org/10.1038/s41588-018-0237-2.

Pauwels L, Morreel K, De Witte E, Lammertyn F, Montagu MV, Boerjan W, Inzé D, Goossens A (2008) Mapping methyl jasmonate-mediated transcriptional reprogramming of metabolism and cell cycle progression in cultured *Arabidopsis* cells. *Proc Natl Acad Sci USA*. 105(4):1380-1385. <https://doi.org/10.1073/pnas.0711203105>.

Arruda P (2012) Genetically modified sugarcane for bioenergy generation.

Curr Opin Biotechnol. 23: 315-322. doi:10.1016/j.copbio.2011.10.012.