

PROXIMIDADE DO GRUPO CHALCONA SINTASE EM BANANA (*Musa acuminata*) COM DEMAIS INDIVÍDUOS

Vanessa Cidade de Souza¹; Emilly Nazuna Tsunoda²; Francisca das Chagas Barbosa da Silva Barreto³; Cleidianne Ferreira Dias⁴; Aline Medeiros Lima⁵

1. Vanessa Cidade de Sousa, Graduando em Ciências Biológicas, Universidade Federal Rural da Amazônia, Campus Tomé-Açu 3. PIBID (Capes), Graduandas em Ciências Biológicas, Universidade Federal Rural da Amazônia, Campus Tomé-Açu. 4. Bolsistas PIBIC (CNPq), Graduanda em Ciências Biológicas, Universidade Federal Rural da Amazônia, Campus Tomé-Açu. 5. Aline Medeiros Lima, Universidade Federal Rural da Amazônia, Centro de Ciências Biológicas, Campus Tomé-Açu.

RESUMO: PROXIMIDADE DO GRUPO CHALCONA SINTASE EM BANANA (*Musa acuminata*) COM DEMAIS INDIVÍDUOS

A Chalcona sintase (CHS) é uma enzima que tem a função de catalisar a reação química que converte a malonil-CoA e 4-coumaroyl-CoA em uma molécula chamada chalcona, que posteriormente será sintetizada em flavonoides que desempenham um papel na proteção das plantas contra danos causados por radiação ultravioleta, patógenos e herbívoro. Foi proposto, na disciplina de Evolução, o desenvolvimento deste estudo com o objetivo de destacar a importância desta proteína para os vegetais e realizar comparações entre os diferentes tipos presentes na *Musa acuminata* e em indivíduos com Chalcona sintase similares, sendo elas: seis Chalcona sintase presentes na *M. acuminata*, três presentes na *Zingiber officinale*, uma da *Curcuma longa*, uma da *Carya illinoensis*, uma da *Citrus sinensis* e uma da *Vicia villosa*. No presente trabalho foram utilizados procedimentos de bioinformática para a avaliação da enzima. Para a obtenção dos dados da *M. acuminata* foi utilizado o banco de dados público Phytozome, e o National Center for Biotechnology Information (NCBI), por meio do BLAST, forneceu informações de similaridade da Chalcona sintase presente na *M. acuminata* para com demais indivíduos. Mais adiante foram utilizados os programas BioEdit para o alinhamento e MEGAX para a criação da árvore filogenética. Por meio da análise da árvore filogenética, se concluiu que a Chalcona sintase da *M. acuminata* 1, 3, 4 e 7 estão filogeneticamente mais próximas uma das outras e de espécies distintas, do que com as das *M. acuminata* 2, 5 e 6, sendo que entre *M. acuminata*, a 7 é a que apresenta maior proximidade para com uma outra espécie, a *V. villosa*. Dessa forma, se observa que as Chalcona sintase presente na *M. acuminata* não estão agrupadas em um único clado quando comparadas com distintas Chalcona sintase presente em outros indivíduos, porém, são necessários mais estudos para sua conclusão.

PALAVRAS-CHAVE: Chalcona sintase; Análise Molecular; Filogenia.