

Seção: Genética**IDENTIFICAÇÃO IN SILICO DE GENES EXPRESSOS EM FRUTOS DE *Myrciaria dúbia* (H.B.K.) McVaugh (Myrtaceae) ENVOLVIDOS NO METABOLISMO DO ESTRESSE HÍDRICO.**

Mara Andrade Colares MAIA (1)

Mara Thais de Oliveira SILVA (1)

Marcicleide Lima do Espírito SANTO (2)

Kaoru YUYAMA (3)

O camu-camu é uma frutadeira arbustiva natural de áreas de várzea na Amazônia, que vem sendo domesticado e com crescente cultivo em terra firme, sujeito a sofrer com estresse biótico e/ou abiótico. O objetivo do trabalho é fazer uma identificação *in silico* de genes expressos em frutos de camu-camu envolvidos no metabolismo do estresse hídrico. Para isso foram analisadas as sequências da biblioteca de *Expressed Sequence Tags* (ESTs) de frutos de plantas cultivadas em terra firme e identificadas através de ferramentas da bioinformática. Os resultados revelaram a presença de genes que codificam proteínas: envolvidas na via biossintética do etileno, hormônio que age como regulador negativo em plantas submetidas a estresse hídrico, entre elas - 1-aminociclopropano-1-carboxilato oxidase, 1-aminociclopropano-1-carboxilato sintase e S-adenosil-L-metionina sintetase; além do fator de transcrição 2 e de elemento ligado ao fator de transcrição 3 e Apetalla 2 que sofrem influência do etileno; Genes que participam da via de degradação do Ácido Abscísico (ABA), conhecido como hormônio do estresse, também foram identificados, como: a 8'-hidroxilase; a ABA glucosiltransferase, Ciclase. Genes que codificam proteínas responsáveis pelo transporte de água através da membrana plasmática também foram expressos no fruto, como: a aquaporina Pip2; aquaporina Pip1; a equivalente a proteína nodulin; análogo a proteína intrínseca de tonoplasto (Tip1). Pode-se inferir que a presença dessas proteínas nos frutos se deve em função da relação entre os hormônios etileno e ABA, primeiramente, de diminuir a perda de água, que se encontra em grande quantidade, e pelo fato de estarem diretamente relacionados ao amadurecimento e a queda dos frutos maduros, sendo o déficit hídrico um fator estimulante da expressão desses genes.

Palavras-chave: Camu-camu, Expressed Sequence Tags, Tolerância a seca

Créditos de Financiamento:

(1) Graduanda em Biotecnologia da Universidade Federal Rural do Semiárido (UFERSA). Av. Francisco Mota, 572, Costa e Silva, CEP 82820-540, Mossoró – RN, Brasil

(2) Dra., Professora do Departamento de Ciências Vegetais – UFERSA. (marcicleide@ufersa.edu.br)

(3) Dr., Pesquisador do Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia (INPA), Manaus – AM- Brasil.