

10^o

FEPEG FÓRUM

ENSINO • PESQUISA
EXTENSÃO • GESTÃO

RESPONSABILIDADE SOCIAL: INDISSOCIABILIDADE
ENSINO, PESQUISA E EXTENSÃO UNIVERSITÁRIA



ISSN 1806-549 X

Autor(es): GUILHERME ARAÚJO LACERDA, LUANA CRISTINA DINIZ SANTOS, MÁRCIO ANTÔNIO SILVA PIMENTA

Análise de motivos para proteínas SERK como marcador estágio-específico em espécies de importância agrônômica

Resumo

A utilização de marcadores estádios-específicos permite uma melhor compreensão do desenvolvimento vegetal além de propiciar a possibilidade de otimização de sistemas e protocolos de morfogenéticos *in vitro* para fins aplicados a biotecnologia. Inicialmente, realizou-se uma busca por palavras-chave, no caso SERK, tendo em vista que todos as sequências tenham sido previamente anotados automaticamente por comparação com o próprio banco de dados. Para descobrir motivos de agrupamento entre as sequências para SERK selecionadas nos bancos de dados, utilizamos o programa MEME empregando-se os parâmetros: qualquer número de repetições de motivos, máximo de 20 motivos por sequência e tamanho para cada um deles entre 6 e 200 aminoácidos.

Palavras-chave: Somatic embryogenesis-related kinase; LRR-RLK; Leucine-rich repeat transmembrane receptor-like kinase.

Introdução

A identificação e utilização destes marcadores estádios-específicos permitiria uma melhor compreensão dos aspectos básicos destes processos de desenvolvimento, além de propiciar a possibilidade de otimização de sistemas e protocolos de morfogenéticos *in vitro* para fins aplicados e biotecnológicos. Os processos moleculares que governam a competência e a indução para a embriogênese em células vegetais ainda não estão totalmente esclarecidos (MORDHOST *et al.*, 1997; IKEDA *et al.*, 2006). Sem dúvida, esses processos envolvem a reprogramação da expressão gênica, que resultam em alterações morfológicas, bioquímicas e metabólicas nas células (NAMASIVAYAM, 2007). Trabalhos recentes têm sido realizados com objetivo de obter marcadores moleculares para a detecção e ou a promoção da competência embriogênica (IKEDA *et al.*, 2006; FLOH *et al.*, 2007). A identificação e a expressão destes marcadores proteicos são, na sua maioria, utilizadas para a identificação de populações celulares competentes para a embriogênese.

Material e métodos

Seleção de sequências para proteínas SERK

As sequências identificadas como *SERK* foram obtidas a partir do banco de dados públicos NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) no período entre maio e novembro de 2016. Por meio desta interface foi possível procurar por sequências, montar clusters e analisar os prováveis genes candidatos para *SERK* (LACERDA *et al.*, 2008). Inicialmente, realizou-se uma busca por palavras-chave, no caso SERK, tendo em vista que todos as sequências tenham sido previamente anotados automaticamente por comparação com o próprio banco de dados. Dessa forma, as sequências encontrados foram então agrupadas em clusters e em seguida foram submetidas à anotação manual. Todas as sequências identificados como *SERK* após a anotação, foram utilizadas para uma nova busca afim de obter uma otimização da saturação do banco de dados, utilizando-se a ferramenta BLASTt, visando encontrar novas sequências de polipeptídios para *SERK*, bem como corrigir clusters incompletos. Esse processo, também chamado de saturação, foi repetido até que não se encontrem mais nenhuma nova sequência significativa.

Identificação de motivos comuns de agrupamento

Para descobrir motivos de agrupamento entre as sequências para *SERK* selecionadas nos bancos de dados, utilizamos o programa MEME (*Multiple Expectation Minimization for Motif Elicitation* <http://meme-suite.org/tools/meme>) versão 4.11.2 *patch 2* (BAILEY; ELKAN, 1994; BAILEY *et al.*, 2006), empregando-se os parâmetros: qualquer número de repetições de motivos, máximo de 20 motivos por sequência e tamanho para cada um deles entre 6 e 200 aminoácidos. Para a interpretação dos resultados do MEME, teremos uma correlação entre as cores dos motivos com a classificação dos aminoácidos (LACERDA *et al.*, 2008).

Resultados e discussão

Ao final do processo obteve-se 37 sequências polipeptídicas relacionadas a *SERK1*, 2 e 3 em espécies

10^o

FEPEG FÓRUM

ENSINO • PESQUISA
EXTENSÃO • GESTÃO

RESPONSABILIDADE SOCIAL: INDISSOCIABILIDADE
ENSINO, PESQUISA E EXTENSÃO UNIVERSITÁRIA



ISSN 1806-549 X

agronomicamente importantes como: algodão (*Gossypium hirsutum*), videira (*Vitis vinifera*), abacaxi (*Ananas comosus*), arroz (*Oryza sativa*), café (*Coffea canephora*), alface (*Lactuca sativa*), trigo (*Triticum aestivum*), milho (*Zea mays*), soja (*Glycine max*), cacau (*Theobroma cacao*), cenoura (*Daucus carota*) e batata-inglesa (*Solanum tuberosum*). Os motivos de agrupamento são demonstrados (Figura 1) onde os possíveis domínios conservados aparecem em cada uma das sequencias proteicas. A análise dos motivos de agrupamento pelo MEME revelou as sequencias conservadas para SERK1, SERK2 e SERK3 que foram apresentadas por *motifs* apresentadas na Figura 1, onde os possíveis domínios guardados aparecem em todos os *motifs* característicos de cada sequência.

Considerações finais

Algumas espécies agrônômicas já possuem sequencias para SERK de forma bem descrita, porém trabalhos com espécies agrônômicas em genes SERK1, SERK2, SERK3 são ainda incipientes. Logo, estudos que envolvem marcadores estádio-específico otimizariam a propagação clonal e uniforme de plantas de espécie agrônômica, embasando sua futura utilização para fins de melhoramento genético na espécie.

Agradecimentos

Ao Laboratório de Genética da Conservação (LabGene) quanto ao apoio logístico na implementação e execução do projeto e a FAPEMIG pela concessão de bolsa de Iniciação Científica.

Referências bibliográficas

- ALBRECHT, C. *et al.* The *Arabidopsis thaliana* SOMATIC EMBRYOGENESIS RECEPTOR-LIKE KINASES1 and 2 control male sporogenesis. **Plant Cell**, v. 17, n. 12, p. 3337–3349. Dec., 2005
- AHMADI, B. *et al.* Molecular characterization and expression analysis of SERK1 and SERK2 in *Brassica napus* L.: implication for microspore embryogenesis and plant regeneration. **Plant Cell Rep.**, v. 35, n. 1, p.185-93, Jan., 2016.
- BAILEY, T. L.; ELKAN, C. Fitting a mixture model by expectation maximization to discover motifs in biopolymers. In: PROCEEDINGS OF THE SECOND INTERNATIONAL CONFERENCE ON INTELLIGENT SYSTEMS FOR MOLECULAR BIOLOGY, pp. 28-36, AAAI Press, Menlo Park, **Annals...** California, 1994.
- BAILEY, T. L.; *et al.* MEME: discovering and analyzing DNA and protein sequence motifs. **Nucl. Ac. Res.**, Oxford, v.34, p.W369-W373, 2006.
- FLOH, E. I. S.; *et al.* Marcadores bioquímicos e moleculares para estudos da morfogênese in vitro. **Rev. Bras. Hort. Orn.**, Campinas, v. 13, p. 1992-2001, 2007.
- IKEDA, Y.; *et al.* The ENHANCER OF SHOOT REGENERATION 2 gene in *Arabidopsis* regulates CUP-SHAPED COTYLEDON 1 at the transcriptional level and controls cotyledon development. **Plant Cell Physiol.**, Oxford, v.47, n.11, p.1443–1456, 2006.
- LACERDA, G. A. *et al.* Expressão *in silico* de genes candidatos para SERK (*Somatic Embryogenesis Receptor Kinase*) em *Coffea arabica* L. In: CONGRESSO DE PÓS-GRADUAÇÃO DA UFLA. 17. p. 322-327. 2008. **Anais...** Lavras: UFLA, 2008.
- MORDHOST, A. P.; *et al.* Plant embryogenesis. **Crit Rev Plant Sci.**, Philadelphia, v. 16, n. 6, p.535-576, 1997.
- NAMASIVAYAM, P. Acquisition of embryogenic competence during somatic embryogenesis. **Plant Cell Tiss Org**, Amsterdam, v.90, p.1-8, 2007.
- NATIONAL CENTER FOR BIOTECHNOLOGY INFORMATION. 2016. Disponível em: < <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>>. Acesso em: 23 Ago. 2016.

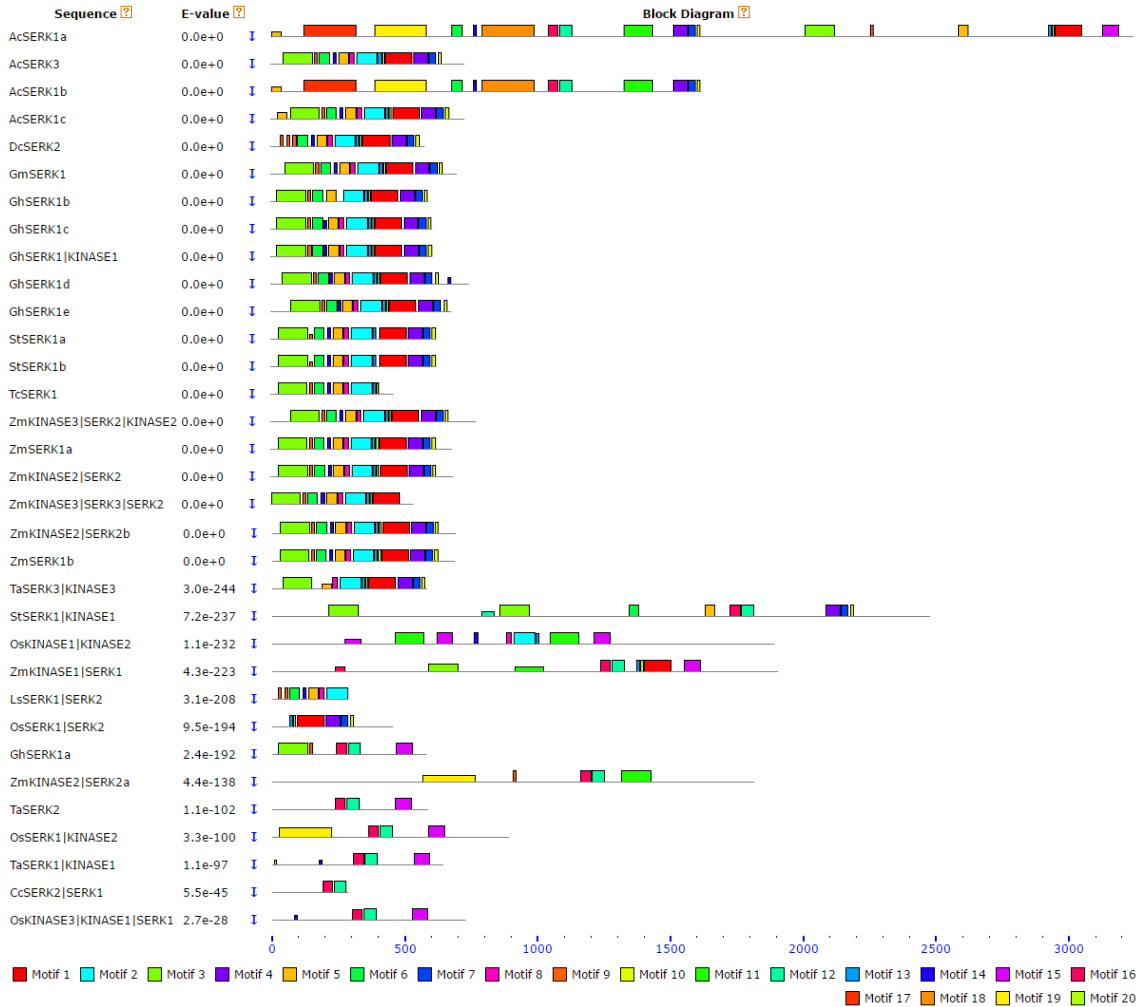


Figura 1. MEME (*Multiple Expectation Minimization for Motif Elicitation* <http://meme-suite.org/tools/meme>) para prováveis sequências para SERK em espécies agrônômicas: abacaxi (Ac - *Ananas comosus*), cenoura (Dc - *Daucus carota*), soja (Gm - *Glycine max*), algodão (Gh - *Gossypium hirsutum*), batata-inglesa (St - *Solanum tuberosum*), cacau (Tc - *Theobroma cacao*), milho (Zm - *Zea mays*), trigo (Ta - *Triticum aestivum*), arroz (Os - *Oryza sativa*), alface (Ls - *Lactuca sativa*), café (Cc - *Coffea canephora*). Os parâmetros utilizados foram: número de repetições qualquer, máximo número de motivos 20 e amplitude ótima entre 6 e 200.