

Rafinose sintase em Ipomea spp.: abordagem com as ferramentas da bioinformática

Bruno da Rocha Toroco^{1*}; Luiz Gustavo G Lobo¹; João Pedro dos S Silva¹; Silvia Graciele H de Souza²; Tiago Benedito dos Santos¹

¹UNOESTE – Universidade do Oeste Paulista, CEP: 19067-175, Presidente Prudente – SP, Brasil; bruno-toroco@outlook.com; gustavo2620@otlook.com; jpssilva_13@hotmail.com; dossantos@unoeste.br;

²UNIPAR – Universidade Paranaense, CEP: 87502-210, Umuarama – PR, Brasil; silviahulse@prof.unipar.br

*** Apresentador do trabalho no 57º CBO**

RESUMO

A batata-doce desempenha um papel vital como uma fonte de carboidratos complexos, que é a principal fonte de energia, além de estar relacionado em uma ampla gama de processos fisiológicos. Os oligossacarídeos da família da rafinose (RFOs) pertencem a uma classe de carboidratos envolvidos em vários processos nas plantas. Em condições abióticas, por exemplo, os RFOs têm um papel importante na proteção contra esses estresses, que podem influenciar no crescimento e desenvolvimento. Com a crescente disponibilização de informações e acessos a genomas de plantas ocorrida nos últimos anos, tem possibilitado identificar genes que possam ser introgrididos em programas de melhoramento. Objetivou-se nesse estudo identificar e caracterizar *in silico* genes da *rafinose sintase (RafS)* nos genomas de *Ipomea trifida*, *I. triloba* e *I. batatas* L. cv. Beauregard. A estrutura gênica, motivos conservados dos genes *RafS* identificados, localizações cromossômicas, relações filogenéticas e suas características proteicas foram investigados sistemicamente usando diferentes ferramentas de bioinformática. A abordagem *in silico* identificou cinco genes no genoma de *I. trifida*, três em *I. triloba* e 19 em *I. batatas* L. cv. Beauregard, que estão distribuídos em diferentes cromossomos. Uma análise detalhada da relação filogenética, motivos, estrutura genética, padrões de duplicação, e expressão dos genes também foram realizadas. Este estudo fornece informações importantes sobre os genes *RafS* em batata-doce, que será útil para pesquisas futuras visando descobrir a funcionalidade desses genes *RafS* e sua aplicação em programas de melhoramento genético.

PALAVRAS-CHAVE: batata-doce, *in silico*, trissacarídeo, filogenia, expressão gênica.

AGRADECIMENTOS

Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de Bruno Rocha Toroco.