

REDES DE INTERAÇÃO ENTRE PROTEÍNAS TEOSINTE BRANCHED 1, CYCLOIDEA E PCF1 (TCP) EM MORANGO (*FRAGARIA X ANANASSA*)

GUSTAVO HENRIQUE CAMOZATTO¹; ROSANE LOPES CRIZEL²; AUDREY CHRISTINA DO NASCIMENTO³; VANESSA GALLI⁴

¹Universidade Federal de Pelotas – gustavocamozatto@gmail.com

²Universidade Federal de Pelotas – rosanecrizel1@hotmail.com

³Universidade Federal de Pelotas – audreych97@gmail.com

⁴Universidade Federal de Pelotas – vane.galli@yahoo.com

1. INTRODUÇÃO

O morango é um pseudofruto do gênero *Fragaria* extensivamente cultivado no mundo e apreciado por suas características sensoriais, como sabor, cor e aroma, além da presença de compostos bioativos. Embora as tecnologias de cultivo tenham aumentado sua produção, ainda existem fatores que a limitam; particularmente os estresses abióticos, como o estresse osmótico. Outro desafio, é a elucidação dos mecanismos bioquímicos e moleculares que ocorrem durante o processo de amadurecimento deste pseudofruto, a fim de desenvolver tecnologias que reduzam os impactos negativos dos estresses abióticos e perdas pós-colheita.

Devido as suas características de desenvolvimento rápido, sistema de cultivo que não apresenta grandes dificuldades bem como informações genéticas disponíveis em bancos de dados, o morangueiro se destaca como modelo biológico para investigação dos mecanismos envolvidos no amadurecimento dos frutos classificados como não-climatéricos.

Os fatores de transcrição (FTs) são proteínas importantes na plasticidade vegetal em resposta a diferentes estímulos ambientais e internos, envolvendo-se com uma variedade de proteínas relacionadas com a percepção desses sinais, bem como com aquelas que desempenham papel nas respostas metabólicas. As TCPs (TEOSINTE BRANCHED 1, CYCLOIDEA e PCF1) são uma família de FTs descoberta no fim da década de 1990 em pesquisas com as espécies *Oryza sativa*, *Antirrhinum majus* e *Zea mays*.

Desde seu descobrimento, os membros da família TCP vem sendo relacionados com uma variedade de processos importantes em diferentes contextos do crescimento e desenvolvimento vegetal, bem como de percepção e defesa a estresses bióticos e abióticos (UBERTI MANASSERO *et al.*, 2013). Entretanto, a escassez de trabalhos relacionando as mesmas com estresses abióticos e o processo de amadurecimento dos frutos de *Fragaria x ananassa*, fazem com que se torne necessária a investigação dessa família de fatores de transcrição na espécie. Assim, o presente trabalho tem como objetivo investigar as redes de interações envolvendo os fatores de transcrição TCPs em morango (*Fragaria x ananassa*).

2. METODOLOGIA

2.1 Rede de interação entre TCPs

As redes de interações específicas usando *co-expression*, mineração de texto, bancos de dados, proximidade, fusão gênica, co-ocorrência e evidências

experimentais, com os homólogos em *Fragaria vesca* das proteínas FaPCF1, FaDICHOTOMA, FaTCP4-2, FaTCP5, FaTCP7 FaTCP14, FaHMG-CoA sintase, FaTCP18, FaTCP19 e FaTCP20, foram construídas através da plataforma online STRING 11.0 (<https://string-db.org/>). A função das proteínas presentes nestas redes de interações foi verificada através do site UniProt (<https://www.uniprot.org/>). A partir desta análise, foram selecionadas as proteínas com funções associadas aos processos de amadurecimento de frutos e resposta a estresses.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As redes de interações obtidas através da construção do interatoma com proteínas homólogas de FaTCP, evidenciaram a relação com uma grande diversidade de proteínas, principalmente outros FTs (Figura 1). No total, 18 FTs foram revelados pela rede de interação, sendo 4 deles associados com estresses abióticos, STOP1 (Sensível a rizotoxicidade de prótons 1), TFbHLH47 (Fator de transcrição hélice-loop-hélice básica 47), RZ1B (Ribonucleoproteína heterogênea RZ1B) e VOZ1 (Planta vascular um-dedo de zinco 1)(SAWAKI et al., 2009; WANG et al., 2019).

Além da presença de FTs, a rede de interação evidenciou proteínas associadas com a biossíntese de carotenoides e dos fitormônios ácido abscísico (ABA), estringolactonas e giberelina. A enzima prolicopeno isomerase (CRTISO) está envolvida na via de biossíntese de licopeno, que faz parte da via de biossíntese de carotenoides (PARK *et al.*, 2002). Outra enzima envolvida na biossíntese de carotenoides apresentada pelas redes de interações, é a CCD8 (Dioxigenase de clivagem de carotenoides 8) que participa do processo catabólico do betacaroteno em carlactona, uma molécula da classe das estringolactonas, que possui atividade hormonal e está relacionada a inibição do perfilhamento e ramificação do caule, também regulam a arquitetura do caule em condições de escassez de fosfato. Além da CCD8, a enzima D27 (betacaroteno isomerase D27) presente na rede, também participa do processo de biossíntese de estringolactonas (ALDER *et al.*, 2012).

O gene ABA3, codifica para a proteína Cofator sulfurase de molibdênio. A reação de sulfatação do molibdênio é fundamental para o funcionamento das enzimas XDH (Xantina desidrogenase) e ADO (Aldeído oxidase) nas quais o cofator se liga através de um átomo de oxigênio e um átomo de enxofre. ABA3 participa da biossíntese de ABA como um regulador chave, participando dos processos de adaptação a baixas temperaturas, estresses osmóticos e possivelmente maturação de frutos não-climatéricos, visto que o ABA desempenha papel importante na maturação dessa classe de frutos (XIONG *et al.*, 2001). A proteína Giberelina 2-beta-diozigenase 2 codificada pelo gene GA2OX2, catalisa a 2-beta-hidroxilação de muitas moléculas de giberelinas, regulando os níveis endógenos desse fitormônio e conseqüentemente sua homeostase. As giberelinas formam um grande grupo de ácidos carboxílicos diterpenóides tetracíclicos onde alguns membros atuam como reguladores do crescimento e desenvolvimento vegetal (THOMAS; PHILLIPS; HEDDEN, 1999).

As demais proteínas que surgiram nas redes de interações não foram abordadas durante a discussão, devido ao fato delas não estarem relacionadas diretamente com estresses abióticos e o amadurecimento de frutos, portanto, o enfoque foi dado aquelas que possuem relação com os tópicos abordados neste trabalho.

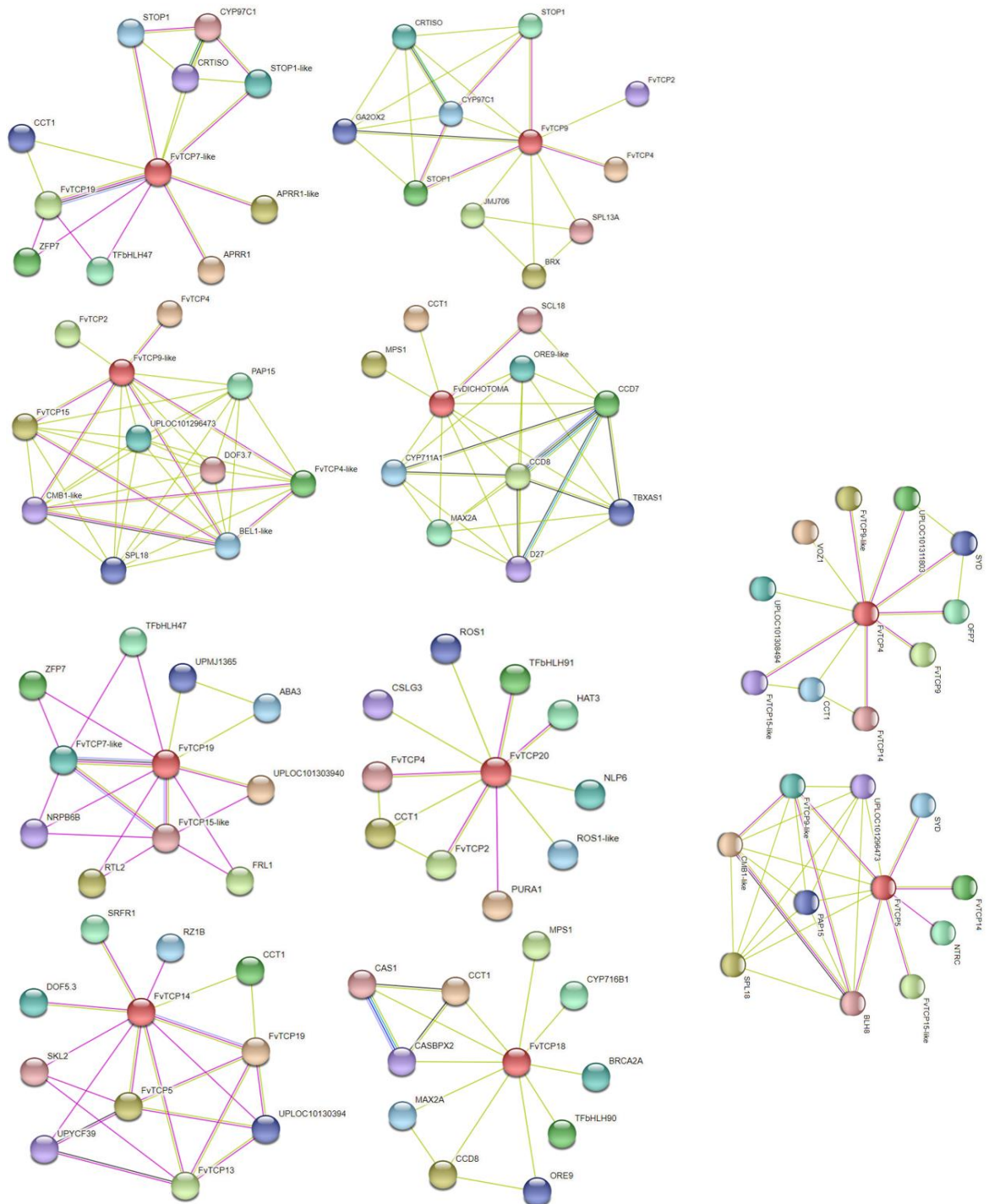


Figura 1 – Rede de interação de FaTCPs em *F. ananassa*. A análise foi realizada com homólogos em *F. vesca*. A coloração das linhas indica o tipo de interação: Linhas pretas indicam co-expressão; linhas verdes indicam mineração de texto; linhas ciano indicam bancos de dados e linhas azul claro indicam proteínas homólogas. Fonte: elaborada pelo autor, 2021.

4. CONCLUSÕES

A análise de rede de interação entre proteínas evidenciou a relação com proteínas importantes no contexto de estresses abióticos e biossíntese de fitormônios, como as proteínas STOP1, TFbHLH47, RZ1B, VOZ1, CRTISO, CCD8, D27, ABA3, GA2OX2, CYP97C1, CYP716B1 e CYP711A1. Esses resultados contribuem para posteriormente elaborar técnicas biotecnológicas, que visem minimizar os efeitos negativos causados por estresses abióticos em plantas de morango, cooperando com o fortalecimento da cultura do morangueiro no Brasil.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALDER, A. et al. The path from β -carotene to carlactone, a strigolactone-like plant hormone. **Science**, v. 335, n. 6074, p. 1348–1351, 2012.

PARK, H. et al. Identification of the carotenoid isomerase provides insight into carotenoid biosynthesis, prolamellar body formation, and photomorphogenesis. **Plant Cell**, v. 14, n. 2, p. 321–332, 2002.

SAWAKI, Y. et al. Stop1 regulates multiple genes that protect arabidopsis from proton and aluminum toxicities. **Plant Physiology**, v. 150, n. 1, p. 281–294, 2009.

THOMAS, S. G.; PHILLIPS, A. L.; HEDDEN, P. Molecular cloning and functional expression of gibberellin 2-oxidases, multifunctional enzymes involved in gibberellin deactivation. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 96, n. 8, p. 4698–4703, 1999.

UBERTI MANASSERO, N. G. et al. TCP transcription factors: Architectures of plant form. **Biomolecular Concepts**, v. 4, n. 2, p. 111–127, 2013.

XIONG, L. et al. The Arabidopsis LOS5/ABA3 locus encodes a molybdenum cofactor sulfuryase and modulates cold stress- and osmotic stress-responsive gene expression. **Plant Cell**, v. 13, n. 9, p. 2063–2083, 2001.

WANG, L. et al. Genome-wide analysis of bHLH transcription factor family reveals their involvement in biotic and abiotic stress responses in wheat (*Triticum aestivum* L.). **3 Biotech**, v. 9, n. 6, p. 1–12, 2019.