



Identificação e Modelagem Tridimensional de Proteínas de Ligação ao Gelo presentes em *Prasiola crispera* e microbiota associada

Carlos Eduardo Pinheiro Leher, discente de Biotecnologia, Universidade Federal do Pampa, Campus São Gabriel

Evelise Carvalho Leis, Universidade Federal do Pampa

Pedro Lanzarini de Oliveira, Universidade Federal do Pampa

Kimberly de Oliveira Moreira, Universidade Federal do Pampa

Darlene Lopes Rangel, Universidade Federal do Pampa

Paulo Marcos Pinto, docente, Universidade Federal do Pampa

carlosleher.aluno@unipampa.edu.br

O continente Antártico é o mais extremo em condições para a existência e manutenção da vida, tendo temperaturas inferiores a -90°C , baixo índice de pluviosidade anual e alta incidência de raios ultra-violeta. Organismos que sobrevivem a tais estresses adquirem evolutivamente mecanismos capazes de contornar essas adversidades, seja através da interação mutualística com outras espécies ou produção de proteínas específicas. A alga antártica *Prasiola crispera* é uma macroalga verde taloide de distribuição biogeográfica cosmopolita. Devido a sua capacidade de colonizar um ambiente tão inóspito e extremo, *P. crispera* deve possuir mecanismos adaptativos selecionados naturalmente durante sua evolução. As proteínas de ligação ao gelo (IBPs) possuem a função de impedir a formação e a recristalização de cristais de gelo no interior das células que causariam a morte do organismo. Baseado nisso, o objetivo deste trabalho foi identificar produtos gênicos no transcriptoma de *P. crispera* que estão diretamente relacionados à produção de IBPs e modelar a estrutura tridimensional das proteínas encontradas. Foi utilizado o transcriptoma de *P. crispera* previamente sequenciado e anotado pelo grupo, mantendo as contaminações por microbiota. IBPs de *P. crispera* e microbiota foram buscadas pelo algoritmo BLASTX, alinhando os transcritos contra as sequências de IBPs em um banco de dados local, construído com os diferentes grupos de IBPs. Transcritos identificados através da busca

tiveram a sequência aminoacídica predita utilizando o Trandescoder e modeladas computacionalmente através do servidor Phyre2 utilizando como molde IBPs de espécies variadas e já bem descritas e proteínas com dualidade de função. Da busca com o BLASTX, identificou-se 127 sequências como possíveis IBPs, com ao menos um BLAST *hit*, ortólogas a proteínas de plantas, bactérias e fungos. A modelagem computacional da estrutura tridimensional indicou que 17 destas possíveis IBPs possuem estrutura semelhante a outras proteínas do grupo, onde 8 transcritos apresentaram maior potencial, sendo três deles oriundos diretamente de *P. crispera* e o restante a partir da microbiota. Este trabalho serve de apoio para estudos futuros sendo o próximo passo a simulação de Dinâmica Molecular *in silico* para avaliar o comportamento destas estruturas proteicas em diferentes temperaturas e sua interação com os cristais de gelo.

Agradecimentos: CAPES, CNPq, FAPERGS, UNIPAMPA

Palavras-chave: ; Bioinformática; Transcriptômica; *Treboxiophyceae*.