

# A FAMÍLIA GÊNICA ASCORBATO PEROXIDASE EM GENOMAS DE *Coffea* spp.

Gian Carlos Costa Barros, Daniel Rodrigo Dovigo, Douglas Silva Domingues, Câmpus de Rio Claro, Instituto de Biociências, Ciências Biológicas, [gianbarros12@gmail.com](mailto:gianbarros12@gmail.com) Iniciação Científica (CNPq)

Palavras Chave: *Ascorbato peroxidase, genômica comparativa, metabolismo antioxidante.*

## Introdução

As ascorbato peroxidases (APx) são enzimas cruciais no metabolismo antioxidante das plantas. Elas catalisam a conversão do peróxido de hidrogênio em água, usando o ascorbato como doador de elétrons. Essas enzimas são codificadas por famílias multigênicas em plantas superiores. Filogeneticamente, as isoformas APx são classificadas em APx, APx-R e APx-L. Muitos estudos avaliam as características bioquímicas e transcricionais da APx no gênero *Coffea*; no entanto, pouco se conhece sobre a distribuição genômica e evolução da APx em cafeeiro.

## Objetivo

O objetivo deste estudo foi compreender aspectos genômicos, evolutivos e transcricionais da família dos genes APx nos genomas de três espécies do gênero *Coffea*: *C. canephora*, *C. eugenioides* e *C. arabica*.

## Material e Métodos

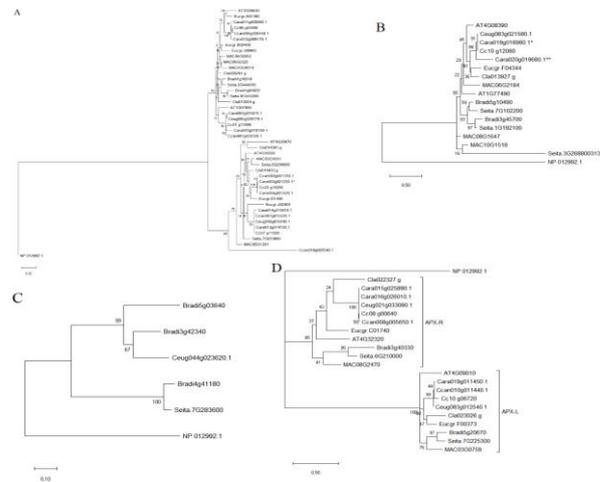
Foram identificados genes que possuem o domínio Interpro IPR002207 (Class I peroxidase) totalizando 77 sequências de APx em 9 espécies vegetais com genoma disponível no banco de dados PLAZA e ACGC. As sequências foram alinhadas e utilizadas para análise filogenética por máxima verossimilhança no programa MEGA 7.0. Os dados de expressão foram obtidos a partir da base de dados públicos para *C. canephora* para análise do seu perfil transcricional.

## Resultados e Discussão

Não houve amplificação gênica devido à fusão dos genomas ancestrais na formação do tetraploide *C. arabica*. Nós observamos dois genes APx-R em *C. arabica*, que são geralmente de cópia única, confirmando a natureza poliploide desta espécie. Todos os genes APx no café passam por seleção purificadora, especialmente a presente no cloroplasto, onde há uma seleção positiva nas regiões do peptídeo sinal. A APx peroxissômica (Cc\_01G11800) em *C. canephora* é a APx mais expressa nesta espécie. Este gene é expresso principalmente no estame, perisperma e folha. Observamos ainda uma diversificação funcional de

ortólogos entre espécies de angiospermas. Por exemplo, o gene APx de *C. canephora* Cc\_01G11800 apresenta um padrão de expressão comparável ao ortólogo de *Arabidopsis thaliana* (At1g07890), com atividade em endosperma, mas com maior expressão em raízes. Não foi possível distinguir em nenhuma das árvores (Figura 1) um padrão entre espécies de monocotiledôneas e eudicotiledôneas, o que corrobora a teoria que o ancestral de angiospermas já possuía mais de um grupo de APx (Lazarotto et al., 2015).

**Figura 1.** A: Sequências de Peroxissomos e Citoplasma; B: Sequências de Cloroplastos; C: Sequências de Mitocôndrias; D: Sequências de APx-R e APx-L.



## Conclusões

O presente trabalho fornece informações genômicas e evolutivas que dão suporte a estudos em Bioquímica e Fisiologia do metabolismo antioxidante em *Coffea*.

## Agradecimentos

Ao CNPq pela bolsa de iniciação científica.

LAZZAROTTO, Fernanda; ZOLET, Andreia Carina Turchetto; MARGIS-PINHEIRO, Márcia. Revisiting the Non-Animal Peroxidase Superfamily. *Trends in plant science*, 2015.

OZYIGIT, Ibrahim I. et al. Identification and comparative analysis of H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>-scavenging enzymes (ascorbate peroxidase and glutathione peroxidase) in selected plants employing bioinformatics approaches. *Frontiers in plant science*, v. 7, p. 301, 2016.