XXX Encontro Anual de Iniciação Científica
VII Encontro Anual de Iniciação Científica Júnior
eaic 2021

ANÁLISE DA EXPRESSÃO DOS GENES POLIGALACTURONASE-1 NÃO-CATALÍTICA SUBUNIDADE BETA (MELO3C010662) E α-GALACTOSIDASE (MELO3C010698) E SUA IMPLICAÇÃO NA MATURAÇÃO DO MELÃO

Mariana Celano Menezes de Almeida (PIBIC), Flávia Maria Gustani, Marília Aparecida Stroka, Ricardo Antonio Ayub (Orientador), e-mail: rayub@uepg.br.

Universidade Estadual de Ponta Grossa/ Departamento de Fitotecnia e Fitossanidade.

Fitotecnia/ Fruticultura

Palavras-Chave: *RNA-seq, fisiologia de maturação, parede celular.*

Resumo

Ao longo do amadurecimento do fruto, alterações bioquímicas e fisiológicas desenvolvem as propriedades organolépticas do fruto, sendo a textura umas das mais influentes na qualidade e aceitação. Dessa forma, o estudo de genes que participam desse processo é de suma importância para a compreensão dos mecanismos de maturação e vias metabólicas envolvidas.

Introdução

O melão (*Cucumis melo L.*) vr. Amarelo, Grupo Inodorus, é um fruto não climatérico. O amadurecimento das frutas desencadeia alterações bioquímicas e fisiológicas, as quais conferem as propriedades organolépticas finais dos frutos, sendo a textura uma das que mais influenciam em sua aceitação. O declínio na firmeza do fruto durante o amadurecimento é em grande parte devido à despolimerização da parede celular, constituída de microfibrilas de celulose, hemiceluloses e pectinas. As poligalacturonases estão entre as principais enzimas que hidrolisam as pectinas (SALADIÉ et al., 2015). As α-galactosidases participam da degradação de oligossacarídeos da família da Rafinose, além da hidrólise dos mananos, um tipo de hemicelulose (MOTA et al., 2018). O objetivo desse trabalho era analisar os níveis de expressão gênica das enzimas *Poligalacturonase-1 não-catalítica subunidade beta – CmPG* (MELO3C010662) e *α-galactosidase ácida – CmAAG LIKE 1* (MELO3C010698) para maior compreensão do metabolismo da parede celular do fruto e seus processos de maturação.

Material e Métodos

O material vegetal foi o melão (*Cucumis melo*), cultivar Eldorado (melão amarelo, grupo Inodorus, não-climatérico), colhido em diferentes estágios de maturação: 25, 35 e 45 dias após a polinização (DAP). O mesocarpo dos frutos foi acondicionado a -80°C. Os primers foram desenhados pelos softwares PrimerBlast e Beacon Designer e testados em gradiente de temperatura. O RNA total foi extraído dos frutos nos diferentes estágios de maturação pelo método de Campos et al. (2017) e convertido para cDNA através da transcrição reversa. A RT-qPCR foi realizada utilizando o termociclador AriaMx Real-Time PCR System (Agilent Technologies) e o fluoróforo intercalante SYBR Green. O nível de expressão gênica foi dado por quantificação relativa através dos valores normalizados do gene alvo comparados ao do gene de referência. Para a análise estatística da expressão gênica foi feito teste de Tukey ao nível de 5% de probalidade.

Resultados e Discussão

Não foi possível obter a expressão gênica da *CmPG* (MELO3C010662), pois o primer desenhado apresentou-se inespecífico nas temperaturas testadas (63; 64 e 64,7°C). Os valores de expressão gênica para a isoforma *CmAAGL LIKE 1* (MELO3C010698) não apresentaram diferenças significativas entre os tratamentos (25, 35 e 45 DAP). Saladié et al. (2015), Zhang et al. (2016) e Schemberger et al. (2020) demonstram que as isoformas *CmAAG1* são mais expressas em frutos de melão climatéricos, sendo a ácida mais representativa em frutos jovens.

Conclusão

Não foi possível analisar a expressão gênica da *Poligalacturonase-1 não-catalítica subunidade beta*. Sugere-se novos testes de temperatura dos primers deste gene em posteriores trabalhos, além de estudos sobre outras isoformas que possam ter relação com a degradação de parede celular para a compreensão da participação do mesmo no processo de maturação e metabolismo da parede celular. A expressão do gene *α-galactosidase ácida* não apresentou diferença significativa entre os tratamentos de 25, 35 e 45 DAP. Novos estudos em frutos com menos de 25 DAP e com outras isoformas do mesmo gene são necessários para maiores esclarecimentos sobre sua atividade durante a maturação dos frutos.

Agradecimentos

Agradeço ao CNPq pela concessão da bolsa e incentivo à pesquisa.

CAMPOS, G. S. de et al. High-quality total RNA isolation from melon (Cucumis melo L.) fruits rich in polysaccharides. Semina Ciências Agrárias, Londrina, v. 38, n. 4, p.10-15, ago. 2017.

MOTA, Thatiane Rodrigues et al. Plant cell wall composition and enzymatic deconstruction. AIMS Bioengineering, v. 5, n. 1, p. 63-77, 2018.

SALADIÉ, Montserrat et al. Comparative transcriptional profiling analysis of developing melon (Cucumis melo L.) fruit from climacteric and non-climacteric varieties. BMC genomics, v. 16, n. 1, p. 440, 2015.

SCHEMBERGER, Michelle Orane et al. Transcriptome profiling of non-climacteric 'yellow' melon during ripening: insights on sugar metabolism. BMC genomics, v. 21, p. 1-20, 2020.

ZHANG, Hong et al. Transcriptome profiling of Cucumis melo fruit development and ripening. **Horticulture research**, v. 3, n. 1, p. 1-10, 2016.