

# **POLIMORFISMOS EM GENES DA OXIDASE ALTERNATIVA (AOX) DE ECOTIPOS DAS ESPÉCIES MODELO ARABIDOPSIS THALIANA E ORYZA SATIVA, EVIDENCIARAM VARIANTES DE ESTRUTURAS 3-D INDUZIDAS POR SNPS ASSOCIADOS A ALTITUDE E PLUVIOSIDADE**

Davi Rene Teixeira Maia, Karine Thiers Leitão Lima, Pedro Victor Coelho dos Santos, João Hermínio Martins da Silva, José Hélio Costa, Jose Helio Costa

Oxidase alternativa (AOX) é uma proteína mitocondrial que desempenha papel de manutenção da homeostase redox, regulando a formação de EROs e iniciando a reprogramação celular em resposta a estresses. O objetivo desse estudo foi identificar as alterações de nucleotídeos/aminoácidos (SNPs/SAPs) ligadas à adaptação ambiental nos genes/proteínas da AOX em *Arabidopsis* e *Oryza sativa*. SNPs foram investigados em 1190 acessos de *Arabidopsis* e em 94 acessos de *O. sativa*. Os SNPs identificados, com incidência superior a 30%, foram correlacionados com a distribuição geográfica dos acessos, de acordo com a altitude, clima e pluviosidade. Em *Arabidopsis*, dos 25 SNPs identificados na região codificadora do gene AOX1c, 17 deles foram não sinônimos (AA é alterado). Maior incidência de alterações de AAs ocorreu nas posições 161 (35,6%), 165 (35,6%), 186 (90,5%) e 242 (77,4%). Dos 45 SNPs do gene AOX1d, 35 foram não sinônimos; com maior incidência na posição 274 (35,8%). E dos 25 SNPs do gene AOX2, 22 foram não sinônimos; com maior incidência na posição 76 (91,1%). Em *O. sativa*, dos 82 SNPs no AOX1c, 40 deles foram SNPs não sinônimos. Maior incidência de alterações de AAs ocorreu nas posições 232 (63,8%) e 239 (70,2%). Mudanças de AAs em todas as posições citadas, com exceção da posição 239 da AOX1c de arroz, levam a uma estrutura da AOX com uma interação mais favorável ao substrato ubiquinol, quando comparadas com estruturas de referência (Columbia-0 e Japonica). Análises de docking molecular sugeriram que as interações AOX polimórfica-ubiquinol mais favoráveis ocorrem devido a uma melhor afinidade de ligação enzima-substrato. As análises integradas feitas a partir da distribuição geográfica dos acessos e dos SNPs de cada gene da AOX indicaram que as mudanças de AAs nos genes da AOX estão relacionadas à altitude e precipitação, potencialmente devido a uma seleção ambiental adaptativa positiva.

Palavras-chave: Oxidase Alternativa. SNPs. Modelagem. Docking Molecular.