



B164

ANÁLISE *IN SILICO* DE PROTEÍNAS DESCONHECIDAS DA CANA (*SACCHARUM SP.*)

Ângela L. Drezza, Bruna O. Carvalho, Cristiane A. Uchima, Eduardo O. Nascimento, Izabel J. Martini, Ligia P. Oliveira, Maria C. D. Fregolente, Renato A. Carvalho, Simone S. Tsuneda e Prof. Dr. Marcelo Menossi (Orientador), CBMEG e Instituto de Biologia, UNICAMP

No transcriptoma da cana-de-açúcar 25% dos genes codificam proteínas sem função conhecida. Nosso objetivo foi analisar *in silico* esses genes para inferir funções. As ORFs, os domínios transmembrana, a localização intracelular, a existência de domínios conservados e a presença de seqüências de localização nuclear foram avaliados com os programas ORF Finder, SOSUI, TargetP, CD-Search e PredictNLS, respectivamente. Desenvolvemos um *script* para inferir a acumulação dos transcritos nas diferentes partes da planta. Dentre 107 unigenes analisados, 74 codificavam proteínas solúveis (11 de mitocôndria, 11 de cloroplasto, 45 de citoplasma e 7 nucleares), 27 de membrana (8 de mitocôndria, 1 de cloroplasto, 15 de citoplasma, 3 nucleares) e 7 para via de secreção. Domínios conservados com *E-value* menor que 10^{-4} e cobertura de ao menos 70% foram identificados em 30 unigenes. Essas informações permitiram inferir diversas características. Por exemplo, o unigene SCJFRZ1006E12.g, tem mais transcritos no colmo e em sua casca, apresentando o domínio pfam02338, de protease de cisteínas, com provável função no núcleo. Estas análises *in silico* e em larga escala têm clara relevância para a anotação funcional dos genes da cana-de-açúcar.

Transcriptoma - Cana-de-Açúcar - EST