

Utilização de Métodos de Transcriptômica para o Estudo de Plantas da Família Lamiaceae

¹José Neto Souza de Lima (IC), ²Gustavo Antonio Teixeira Chaves (PQ)

PIBIC-EM
Câmpus Formosa
gustavo.chaves@ifg.edu.br

Palavras Chave: Transcriptômica; Lamiaceae; Expressão gênica

Introdução

A família Lamiaceae é composta por 6000 espécies que são distribuídas em 236 gêneros, dentre seus membros estão plantas como as variedades de *Salvia*, que apresentam diversas propriedades biológicas (NIETO, 2017, EBADOLLAHI, et al, 2020). Recentemente técnicas de transcriptoma vêm sendo empregadas para estudos mais aprofundados a respeito de vias de transcrição e genes específicos dessa família.

O objetivo deste trabalho foi realizar uma revisão bibliográfica para obtenção de informações sobre genes envolvidos em diversas vias regulatórias e metabólicas de plantas da família Lamiaceae.

Metodologia

Os trabalhos avaliados nesta revisão bibliográfica foram selecionados na plataforma PubMed (<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/>), cruzando as palavras "Lamiaceae" e "transcriptome". Após uma filtragem dos resultados, foram selecionados 70 artigos para análise. Posteriormente foram selecionados outros 12 artigos na plataforma Google Acadêmico realizando o mesmo cruzamento de palavras.

Após a leitura dos artigos, as principais informações relacionadas aos genes estudados e aplicações biológicas foram reunidos e discutidos.

Resultados e Discussão

Após a reunião dos dados levantados, foi constatado que a maior parte dos trabalhos utilizou como método de análise transcriptômica o sequenciamento de RNA (RNA-seq). A respeito da plataforma de sequenciamento, a majoritariamente utilizada foi a plataforma Illumina Hi-seq.

Com relação às espécies de Lamiaceae analisadas, as variedades de *Salvia* (*miltiorrhiza*, *hispanica*, *splendens*, *fruticosa* etc.) tiveram grande destaque nos estudos, estando presente em aproximadamente metade deles. Na sequência de destaque tivemos as variedades de *Ocimum*

(*basilicum*, *americanum*, *tenuiflorum*, etc) e *Mentha* (*spicata*, *canadensis*, etc).

A respeito dos compostos ativos, tanshinona foi o que obteve mais destaque dentre os estudos. Na sequência, tivemos os ácidos fenólicos, que também foram foco de diversos estudos.

Os trabalhos analisados identificaram uma diversidade de genes, os quais apresentam grande potencial para estudos mais aprofundados visando aplicações biotecnológicas. Entre esses genes, de acordo com cada trabalho, foi possível identificar alguns envolvidos com a biossíntese de compostos bioativos produzidos pelas plantas, assim como genes envolvidos em respostas a estresses diversos.

Conclusões

A aplicação de técnicas de transcriptoma para o estudo de plantas da família Lamiaceae permite a identificação e caracterização de diversos genes e vias metabólicas, desde genes relacionados à síntese de compostos, até vias de transcrição responsáveis pelo desenvolvimento de partes específicas da planta e respostas a estresse.

Os genes e vias de transcrição apresentados nos resultados possuem grande potencial de uso para estudos futuros que envolvam manipulação genética, permitindo que as informações contidas no trabalho sirvam como banco de dados para estudos posteriores.

Agradecimentos

Agradeço ao meu orientador, ao CNPq e ao IFG.

Referências

EBADOLLAHI, A.; ZIAEE, M.; PALLA, F. Essential Oils Extracted from Different Species of the Lamiaceae Plant Family as Prospective Bioagents against Several Detrimental Pests. **Molecules**, v. 25, n. 7, p. 1556, 28 mar. 2020.

NIETO, G. Biological Activities of Three Essential Oils of the Lamiaceae Family. **Medicines**, v. 4, n. 3, p. 63, 23 ago. 2017.