



**XIX** ENCONTRO NACIONAL  
SOBRE FRUTICULTURA  
DE CLIMA TEMPERADO  
**ENFRUTE**

28.29.30 JULHO 2026 PARQUE DA MAÇÃ - FRAIBURGO/SC



3º SEMINÁRIO  
CATARINENSE DE OLERICULTURA

**III SEMCO**



# Modelagem Molecular e Caracterização Estrutural In Silico do Fator de Transcrição RIN (Ripening Inhibitor) em Tomateiro (*Solanum lycopersicum*)

Tiago Camponogara Tomazetti - Epagri / tiagotomazetti@epagri.sc.gov.br

Márcia Denise Rossarolla - UFSC

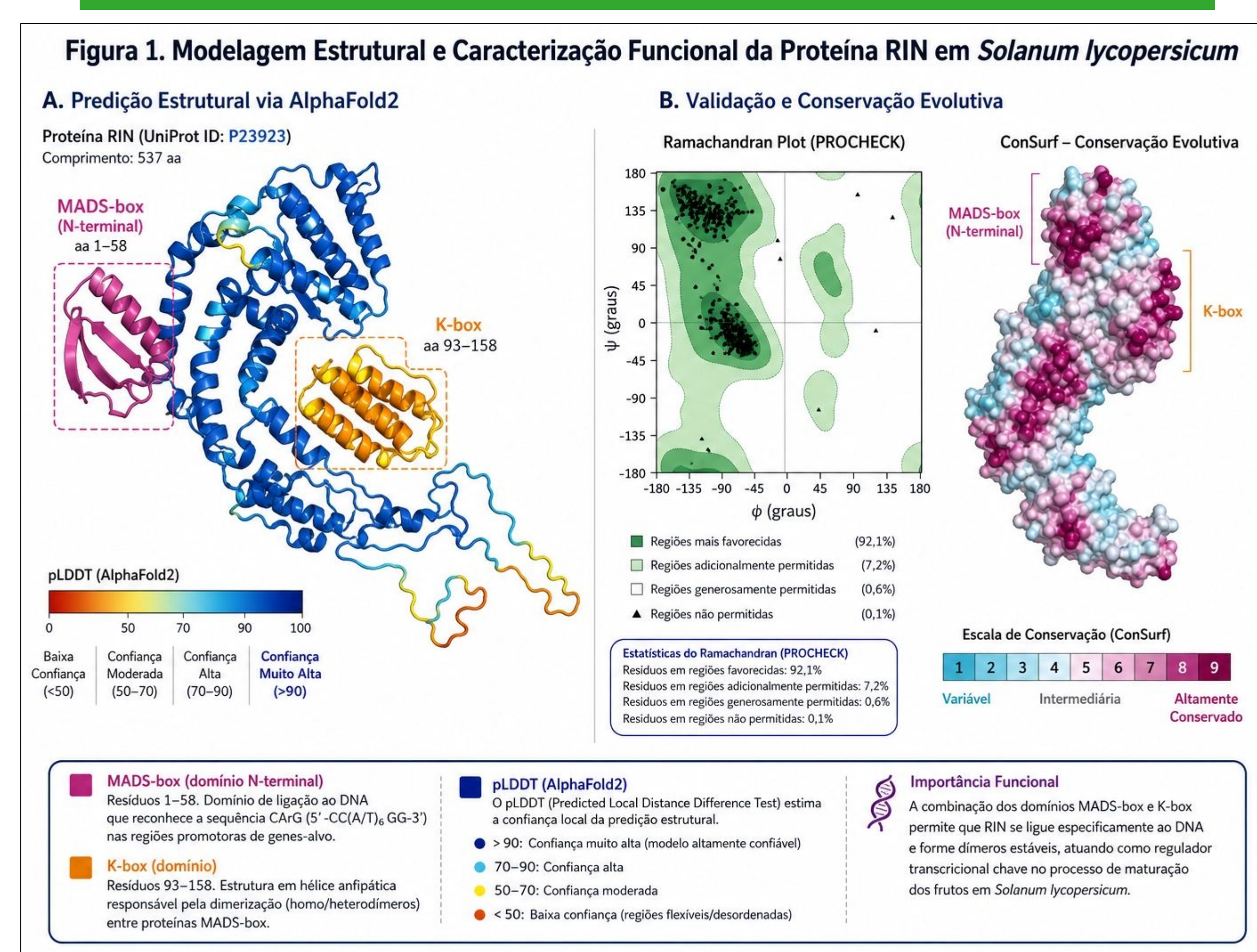
## INTRODUÇÃO

O amadurecimento do tomate (*Solanum lycopersicum*) é coordenado pelo fator de transcrição RIN (*Ripening Inhibitor*), essencial para a síntese de etileno e acúmulo de licopeno. Devido à ausência de uma estrutura experimental completa, a compreensão dos seus mecanismos de interação molecular permanece limitada. Este estudo objetivou realizar a predição estrutural de alta resolução e a caracterização funcional in silico da proteína RIN, visando elucidar as bases moleculares de sua atividade regulatória no controle mestre da maturação.

## METODOLOGIA

A sequência primária da proteína (UniProt ID: P23923) foi submetida ao algoritmo AlphaFold2 para geração de modelos 3D. A confiabilidade estrutural foi validada pelo escore pLDDT e pela análise estereoquímica via Gráfico de Ramachandran (PROCHECK). Domínios conservados foram identificados via InterProScan, enquanto a conservação evolutiva foi mapeada pelo servidor ConSurf. Sítios ativos e cavidades superficiais foram prospectados através da ferramenta DeepSite para identificar potenciais pontos de modulação.

## RESULTADOS



**Figura 1.** Modelagem estrutural e caracterização funcional da proteína RIN em *Solanum lycopersicum*. **A.** Modelo tridimensional predito via AlphaFold2, destacando os domínios funcionais e a alta confiança da predição (pLDDT). **B.** Validação estereoquímica através do Gráfico de Ramachandran e mapeamento da conservação evolutiva (ConSurf), evidenciando a pressão seletiva sobre resíduos críticos para a atividade biológica.

## CONCLUSÃO

A modelagem de alta resolução da proteína RIN revela a importância crítica dos domínios MADS-box e K-box na ligação ao DNA e na dimerização proteica. A robustez do modelo gerado (pLDDT > 90%) fornece uma plataforma preditiva para estratégias de edição genômica via CRISPR/Cas9, visando a modulação da vida de prateleira e a melhoria da qualidade sensorial dos frutos. Estes achados consolidam a bioinformática estrutural como uma ferramenta estratégica para o melhoramento genético de precisão na olericultura moderna.

PROMOÇÃO



APOIO



www.enfrute.com