

ANÁLISE *IN SILICO* DA HOMOLOGIA DO GENE *SERK* EM *GOSSYPIUM HIRSUTUM* L. E ESPÉCIES CORRELATAS

Taiza da Cunha Soares¹; Liziane Maria de Lima²; Carliane Rebeca Coelho da Silva¹; Igor Luiz Vieira de Lima Santos³; Julita Maria Frota Chagas Carvalho²; Péricles de Albuquerque Melo Filho⁴; Roseane Cavalcanti dos Santos².

E-mail: taizabiologa@gmail.com

⁽¹⁾RENORBIO/ UFRPE; ⁽²⁾Embrapa Algodão; ⁽³⁾UFCG; ⁽⁴⁾UFRPE

RESUMO

As técnicas de transgenia tem oferecido grande versatilidade ao melhoramento do algodoeiro em função da possibilidade de introduzir transgenes exógenos, mantendo as propriedades agrônômicas das cultivares geradas. Entretanto, dependendo do método de transformação utilizado, a limitação desse processo reside na necessidade do uso de protocolos de regeneração *in vitro* via embriogênese somática, uma vez que algumas espécies vegetais são altamente recalcitrantes, como é o caso do algodoeiro, o que dificulta o progresso da seleção e o tempo de identificação do transgene. Estudos prévios tem demonstrado que o gene *SERK* (*Somatic Embryogenesis Receptor Kinase*) está relacionado com a aquisição de competência embriogênica, porém há limitação de informações sobre sua atuação e conservação entre diferentes espécies. Pesquisas relacionadas ao conhecimento desse gene podem contribuir para identificar acessos livre de recalcitrância, de modo a favorecer as práticas de regeneração. Nesse trabalho procedeu-se a uma análise *in silico* buscando homologia do *SERK* entre acessos de *G. hirsutum* L. e outras espécies relacionadas, com sequências depositadas em banco de genes (www.ncbi.nlm.nih.gov). As espécies selecionadas foram: *G. hirsutum*, *Theobroma cacao*, *Citrus sinensis*, *Vitis vinifera*, *Glycine max* e *Phaseolus vulgaris*. Sequências completas do gene (mRNA) foram alinhadas por meio do programa ClustalX (<http://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalw2>) para estimativa da similaridade gênica. A seguir, procedeu-se análise da proteína codificante pela ferramenta Blastx, do NCBI. Verificou-se que o gene *SERK1* possui poucas regiões conservadas entre as espécies, contudo, foi observada homologia entre as sequências de *G. hirsutum* e *Theobroma cacao* com maior identidade na ordem de 86% e bit-score 681. Essa mesma relação (93%) foi observada entre as sequências de *Phaseolus vulgaris* e *Glycine max* com bit-score no valor de 1036, o que é esperado por se tratar de duas leguminosas, hermafroditas e cleistogâmicas. A espécie mais distante evolutivamente entre as demais foi a *Vitis vinifera*. Baseando-se na análise dos aminoácidos, verificou-se alto grau de conservação dos principais domínios catalíticos. A proteína SERK possui domínio catalítico da serina/ treonina-quinase e pertence a uma subfamília envolvida em várias vias de sinalização, entre elas a restrição de proliferação de células em início de diferenciação.

APOIO

Embrapa Algodão, Capes.