



## ANÁLISE *IN SILICO* DE GENES INIBIDORES DE TRIPSINA EM NOVE DIFERENTES ESPÉCIES HERBÁCEAS

Valeska Silva Lucena<sup>1</sup>; Roseane Cavalcanti dos Santos<sup>2</sup>; Liziane Maria de Lima<sup>2</sup>;  
Péricles de Albuquerque Melo Filho<sup>3</sup>

1. Doutoranda em Biotecnologia – RENORBIO/CAPES, valeskasl@hotmail.com; 2. Pesquisadoras da Embrapa Algodão.  
3. Professor da UFRPE, pericles@depa.ufrpe.br;

**RESUMO** – Nas várias práticas agrícolas dedicadas às lavouras extensivas, existe uma constante interação entre plantas e pragas, devido não apenas aos efeitos de competição, mas também as várias substâncias que as plantas produzem, beneficiando o estabelecimento do patógeno. O efeito inverso também é observado, onde plantas, independentemente de seu desenvolvimento fenológico, produzem metabólitos primários ou secundários tóxicos a esses organismos que atuam inibindo seu desenvolvimento, podendo levá-los a morte. Dentre estes são citados os inibidores de tripsina (IT), que constituem uma importante família de proteínas que podem ser encontradas em diversas espécies como cereais, oleaginosas, leguminosas, entre outras, tendo, geralmente, maior atividade nas sementes. Na literatura, vários autores reportam que plantas de feijão e de soja com altos níveis de IT foram mais resistentes a danos causados por lepdópteros. Vários genes de ITs já foram descritos nos bancos de dados, com composição de nucleotídeos variadas em função da especificidade dos membros da família. O conhecimento da homologia desses genes é interessante porque se pode estimar o nível de conservação e posteriormente, estudar a composição de novos genes a partir de *primers* específicos desenhados a partir de regiões conservadas. A equipe de biotecnologia da Embrapa Algodão e da UFRPE tem desenvolvido pesquisas relacionadas com a identificação de acessos de amendoim ricos em IT nas sementes, visando utilizar os melhores candidatos em trabalhos de melhoramento para resistência de pragas de grãos armazenados. Um dos meios de se verificar a expressão desse gene é por meio de qPCR. Para tanto, o desenho de primers conservados eleva as chances de sucesso na identificação dos genótipos de maior expressão. Neste trabalho procedeu-se a uma análise *in silico* de genes IT de nove diferentes espécies vegetais, depositados no banco do NCBI ([www.ncbi.nlm.nih.gov](http://www.ncbi.nlm.nih.gov)), sendo elas: *Arachis hypogaeae*, *Arabidopsis thaliana*, *Arabidopsis lyrata*, *Oryza sativa*, *Oryza sativa japonica*, *Glycine max*, *Vigna radiata*, *Vigna trilobata* e *Zea mays*. O alinhamento das sequências foi feito por meio do programa ClustalX (<http://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalw2>). Foi observado que os genes IT são muito conservados dentro de mesma espécie. Em *A. thaliana* verificou-se alta similaridade entre sequências que expressam IT do tipo Kunitz, bem como as do tipo Bowman Birk (BBI), entre acessos de Glycine Max e espécies de *Oryza* e *Vigna*. O alinhamento do gene IT de *Arachis* com as outras espécies vegetais demonstrou baixo percentual de conservação, indicando que para trabalhos moleculares objetivando identificação de novos genes ou expressão diferencial, o ideal é desenhar primers específicos de modo a elevar as chances de detectar com maior probabilidade os produtos desejados

Palavras-chave: Prospecção de Genes, Proteases, Inibição enzimática.

Apoio: Rede Repensa, Embrapa Algodão, UFRPE, Capes