



## PROSPECÇÃO DO GENE (EGS) EM ESPÉCIES AROMÁTICAS COLETADAS NO NORDESTE

Maria Isabel Gomes Martins<sup>1</sup>; Kaliny Pessoa Veiga da Silva<sup>1</sup>; Jéssica de Oliveira Souza<sup>2</sup>;  
Péricles de Albuquerque Melo Filho<sup>3</sup>; Reginaldo de Carvalho<sup>4</sup>; Roseane Calvalcanti dos Santos<sup>5</sup>

1. Doutoranda em Biotecnologia, Renorbio – [belgomes@gmail.com](mailto:belgomes@gmail.com); [kalinyveiga@hotmail.com](mailto:kalinyveiga@hotmail.com); 2. graduanda do curso de Engenharia Florestal da UFRPE, [jel-17@hotmail.com](mailto:jel-17@hotmail.com); 3. Professor do Departamento de Agronomia, UFRPE – [pericles@depa.ufrpe.br](mailto:pericles@depa.ufrpe.br); 4. Professor do Departamento de Biologia, UFRPE – [reginaldo.ufrpe@gmail.com](mailto:reginaldo.ufrpe@gmail.com); 5. Pesquisadora da Embrapa Algodão - [caval@cpna.embrapa.br](mailto:caval@cpna.embrapa.br)

**RESUMO** – Os estudos sobre defensivos orgânicos a partir dos extratos vegetais vem crescendo nos últimos anos em função dos vários benefícios que traz para sociedade e para agricultura. Dentre a classe desses defensivos, citam-se os obtidos pelas plantas aromáticas cujo efeito de controle vai desde a repelência até a letalidade, atingindo vários tipos de pragas como insetos e fungos foliares. O princípio ativo mais conhecido nas plantas aromáticas é o eugenol, um fenilpropeno que está presente no óleo essencial de várias espécies, como cravo da Índia (*Syzygium aromaticum* L.), noz moscada (*Myristica fragrans*), manjeriço (*Ocimum basilicum* L.), entre outros. Essas moléculas são sintetizadas nos tecidos das plantas, a partir do aminoácido fenilalanina e tem o gene *eugenol synthase I* (EGS) como seu precursor. A identificação desse gene em plantas herbáceas de ciclo curto pode se constituir em uma estratégia para auxiliar na recomendação de espécies de fácil manejo e que possam ser utilizadas para o controle de pragas em sistemas agroecológicos. O presente trabalho teve por objetivo prospectar o gene EGS em espécies aromáticas coletadas na região Nordeste, baseando-se em reações de PCR, utilizando-se primers específicos, previamente desenhados a partir da sequência original do gene depositada no NCBI ([www.ncbi.nlm.nih.gov](http://www.ncbi.nlm.nih.gov)). As análises moleculares foram realizadas no Laboratório de Expressão Gênica da UFRPE. Foram extraídos DNAs de folhas jovens das espécies *Plectranthus sp.* (Acesso 1), *Melissa sp.* (Acesso 2), *Ficus sp.* (Acesso 3), *Ocimum basilicum* L. (Acesso 4), *Chenopodium sp.* (Acesso 5), *Plectranthus sp.* (Acesso 6) e *Mentha piperita* L. (Acesso 7). Os DNAs foram extraídos por meio de protocolo já estabelecido pela equipe e alíquotados em 20 ng/µl. Para as reações de PCR utilizou-se o Kit Taq polimerase, da Fermentas, com volume de 25 µL. Os primers utilizados flanqueiam um fragmento interno do gene, com tamanho de 500 pb. O anelamento das reações foi ajustado para 45 °C. Os produtos das reações foram analisados em gel de agarose (0,8%) e fotodocumentados. Verificou-se, a partir do padrão obtido, que apenas dois acessos apresentaram amplicons com tamanho esperado (500 pb), presentes acessos 4 e 6. Como a sequência de primers foi desenhada a partir do gênero *Ocimum*, algumas bandas entre 400 e 700 pb que apareceram em outros acessos, podem estar relacionado com o gene, contudo, a constatação da presença do gene, só poderá ser atestada em posterior análise de sequenciamento.

**Palavras-chave:** controle de pragas, isolamento, gene

**Apoio:** Rede REPENSA (Embrapa Algodão, CNPq, CAPES)