

## ANÁLISE IN SILICO DE PROTEÍNAS DE *RICINUS COMMUNIS* L.

Rodrigo de Oliveira Almeida<sup>1</sup>, Emi Rainildes Lorenzetti<sup>2</sup>, João Carlos Bespalhok Filho<sup>3</sup>, Sérgio Delmar dos Anjos e Silva<sup>4</sup>

### INTRODUÇÃO

A cultura da mamona tem um importante destaque no cenário da agricultura nacional, sendo o Brasil um dos maiores produtores de mamona (BAJAY, 2009). *Ricinus communis* L. é uma planta oleaginosa que pertencente à família das euforbiáceas e é única no gênero Ricinus (MOSHKIN, 1986; WEISS, 1983). Alguns autores consideram a ocorrência de subespécies, que se cruzam e produzem descendentes férteis (SAVY FILHO, 1999 a e b).

O grupo TIGR sequenciou e reuniu aproximadamente 400 Mpb do genoma da mamona através do sequenciamento por shotgun, gerando 50.000 ESTs de diferentes tecidos que ajudam a descoberta e anotação de genes (CASTOR BEAN GENOME DATABASE, 2009). Com uma constante melhoria dos sequenciadores de DNA e proteínas, grande quantidade de informações estão sendo depositadas nos bancos de dados públicos, como National Center for Biotechnology Information (NCBI), European Molecular Biology Laboratory (EMBL) e DNA Data Bank of Japan (DDBJ). Assim, a bioinformática se tornou uma ferramenta indispensável para a análise de grandes volumes de informações. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi analisar *in silico* as proteínas das espécie *Ricinus communis* L. quanto ao tamanho e sua função.

### MATERIAL E MÉTODOS

Sequências proteicas da espécie *Ricinus communis* L. oriundas do *GenBank* foram utilizadas neste trabalho, totalizando 63.308 sequências. O desenvolvimento dos *scripts* para a solução de problemas biológicos computacionais foi feito em linguagem de programação Perl (Practical Extraction and Report Language), sob a plataforma Linux.

Sequências sob a anotação “*unnamed protein product*” e “*hypothetical protein*” foram retiradas, totalizando 32.076 sequências descartadas. Após este procedimento, as sequências foram separadas de acordo com o número de aminoácidos, formando assim 11 grupos distintos (P1 a P11) no qual cada grupo consistia de 1-500, 501-1000, 1001-1500, 1501-2000, 2001-2500, 2501-3000, 3001-3500, 3501-4000, 4001-4500, 4501-5000 e 5001-5500 aminoácidos, respectivamente. Em

<sup>1</sup>Eng. Agrônomo. Doutorando. Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Produção Vegetal -Universidade Federal do Paraná. rodrigo.oliveira@ufpr.br

<sup>2</sup>Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup>. Departamento de Agricultura e Ambiente/ Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Sudeste de Minas Gerais. emi.lorenzetti@ifsudestemg.edu.br

<sup>3</sup>Prof. Dr. Departamento de Fitotecnia. Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Produção Vegetal- Universidade Federal do Paraná. bespa@ufpr.br

<sup>4</sup>Eng. Agrônomo. Dr. Embrapa Clima Temperado/CPACT. sergio@cpact.embrapa.br



<i>Disease resistance</i>	32	54	28	4	0	0	0	0	0	0	0	118
<i>Dismutase</i>	18	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	18
<i>DNA binding protein</i>	426	86	10	8	8	0	0	0	0	0	0	538
<i>Galacturonase</i>	94	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	94
<i>heat shock protein</i>	66	68	0	0	0	2	0	0	0	0	0	136
<i>Helicase</i>	74	122	52	8	4	0	0	0	0	0	0	260
<i>Isomerase</i>	115	34	4	0	0	0	0	0	0	0	0	153
<i>Kinase</i>	1142	943	132	14	2	4	0	2	0	0	0	2239
<i>Ligase</i>	264	114	16	4	6	0	0	4	2	0	0	410
<i>microtubule associated protein</i>	0	0	0	2	0	0	0	2	0	0	0	4
<i>multidrug resistance</i>	54	44	52	6	0	0	0	0	0	0	0	156
<i>Mutase</i>	44	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	44
<i>nucleotide binding protein</i>	12	24	16	2	2	2	0	0	0	0	0	58
<i>Oxygenase</i>	116	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	116
<i>Pentatricopeptide</i>	418	530	34	2	0	0	0	0	0	0	0	984
<i>Peptidase</i>	221	100	0	0	2	0	0	0	0	0	0	323
<i>Permease</i>	40	30	0	0	0	0	0	0	0	0	0	70
<i>Peroxidase</i>	165	1	2	2	0	0	0	0	0	0	0	170
<i>Phosphatase</i>	351	116	12	2	2	0	0	0	0	0	0	483
<i>Polymerase</i>	139	59	26	0	6	0	0	0	0	0	0	230
<i>Pre-mRNA-processing-splicing factor</i>	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	2
<i>programmed cell death protein</i>	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	6
<i>protein binding protein</i>	0	0	0	2	0	0	0	0	0	2	0	4
<i>Reductase</i>	564	87	0	0	0	0	0	0	0	0	0	651
<i>ring finger</i>	106	12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	118
<i>SAB</i>	2	1	0	0	0	2	0	0	0	0	0	5
<i>Synthase</i>	560	212	26	4	2	0	0	0	0	0	0	804
<i>telomerase reverse transcriptase</i>	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	2
<i>Transferase</i>	1619	338	10	20	0	0	0	0	0	0	0	1987
<i>translation initiation factor</i>	59	32	10	0	0	0	0	0	0	0	0	101
<i>transmembrane protein</i>	54	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	54
<i>vacuolar protein</i>	70	32	4	0	0	0	2	0	4	0	0	112
<i>Ycf2</i>	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	4
<i>zinc finger protein</i>	382	48	6	2	0	2	0	0	0	0	0	440
Total de sequências por grupo	10145	3933	588	108	50	16	2	8	6	2	2	

## CONCLUSÕES

A análise de proteínas *in silico* de *Ricinus communis* L. mostra-se de grande auxílio, podendo levar a um melhor planejamento em trabalhos com foco em separação/purificação de proteínas *in vitro*.

## REFERÊNCIAS

BAJAY, M.M. **Desenvolvimento de marcadores microsatélites e caracterização do germoplasma de mamona (*Ricinus communis* L.)**. 2009, 96 p. Dissertação (Mestrado em Ciências: Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade de São Paulo - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 2009.

CASTOR BEAN GENOME DATABASE. Disponível em: <<http://castorbean.tigr.org/>>.

Acesso em: 19 set. 2009.

HUBIK, K. Use of the SE-HPLC analysis of prolamin storage protein to predict breadmaking quality in winter wheat varieties. **Rostlinna výroba**, v.46, p.213-217, 2000.

MOSHKIN, V.A. **Castor**. New Delhi: Amerind Publishing Co. Pvt. Ltd., 1986. 315 p.

PACHUAU, L; LALHLENMAWIA, H; MAZUMDER, B. Characteristics and composition of *Albizia procera* (Roxb.) Benth gum. **Industrial Crops and Products**, v.40, p.90-95, 2012.

SAVY FILHO, **Mamona: tecnologia agrícola**. Campinas: EMOPI, 2005. 105 p.

WEISS, E. A. **Oilseed crops**. London: Longman, 1983. 660 p.

WITTIG, I.; SCHAGGER, H. Native electrophoretic techniques to identify protein-protein interactions. **Proteomics**, v. 9, p.5214-5223, 2009.