



ANÁLISE *IN-SÍLICO* DA DIVERSIDADE DE GENES DE ENZIMAS DE DEGRADAÇÃO DE PAREDE CELULAR VEGETAL EM *Callosobruchus maculatus*

Davi Argemiro Henrique Cardoso de Oliveira¹, Carlos Eduardo Alves Soares²

RESUMO

O presente trabalho objetivou caracterizar *in-silico* a diversidade de genes de enzimas de degradação de parede celular vegetal (genes *avr*) do intestino de *Callosobruchus maculatus*. Vulgarmente conhecido por gorgulho ou caruncho, *C. maculatus* é uma das principais pragas do feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walpers.). Este inseto bruquídeo é causador de diversos prejuízos, destruindo sementes e facilitando o ataque de pragas secundárias tais como fungos e vírus. Foram identificadas inicialmente 63 sequências dos genes de interesse em bancos de dados públicos (www.ncbi.nlm.nih.gov). Recentemente a busca foi refeita e foram identificadas 105 sequências de genes codificadores de enzimas de degradação de parede celular (genes *avr*) do intestino de *Callosobruchus maculatus*. Essas sequências de genes *avr* de *C. maculatus*, foram identificadas por homologias dos genes com o pacote web BLAST2GO. Para caracterização de sua estrutura, alinhamentos múltiplos com auxílio do programa CLUSTALW das sequências obtidas foram realizados. Essas proteínas são semelhantes em relação aos aminoácidos que constituem regiões conservadas (domínios conservados). Por outro lado, na maioria das vezes, as sequências genéticas diferem quando são comparadas suas sequências de nucleotídeos. Esses resultados mostram que as sequências de códons para um mesmo aminoácido podem ser modificadas por outros códons diferentes, dependendo do *códon usage* do organismo para a codificação de uma mesma proteína.

Palavras-chave: bioinformática, gene, enzima.

IN-SILICO ANALYSIS OF GENE DIVERSITY OF PLANT CELL WALL DEGRADING ENZYMES IN *Callosobruchus maculatus* Fab.

ABSTRACT

This study aimed to characterize *in-silico* diversity of genes of plant cell wall degrading enzymes (*avr* genes) from the gut *Callosobruchus maculatus*. Commonly known as weevils or cowpea weevil, *C. maculatus* is a major pest of cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walpers.). This bruchid insect is causing many losses, destroying seeds and facilitating the attack of secondary pests such as fungi and viruses. At the beginning of this research, 63 sequences of the genes of interest were identified in public databases (www.ncbi.nlm.nih.gov). Recently, the search was redone and 105 sequences were identified from genes encoding plant cell wall degrading enzymes (*avr* genes) from the gut of *Callosobruchus maculatus*. These sequences *avr* genes of *C. maculatus* were identified by homology of the genes with the web BLAST2GO package. To characterize its structure, multiple alignments with the help of the program CLUSTALW obtained sequences were performed. These proteins showed similar portions in relation to amino acids that were conserved in specific regions (conserved domains). Moreover, in most cases, the genetic sequences differed when their nucleotide sequences were compared. These results showed that the sequences of codons for the same amino acid may be modified by other different codons depending on the codon usage of the organism for encoding the same protein.

Keywords: bioinformatics, gene, enzyme.

¹ Aluno do Curso de Licenciatura de Ciências Biológicas, Unidade Acadêmica de Ciências Biológicas, UFPG, Patos, PB, E-mail: davicardosod@gmail.com

² Biólogo, Professor, Doutor, Unidade Acadêmica de Ciências Biológicas, UFPG, Patos, PB, E-mail: ceduardoas@cstr.ufcg.edu.br