



**USP ESALQ – ACESSORIA DE COMUNICAÇÃO**

Veículo: Agência USP de Notícias

Data: 18/05/2011

Link: <http://www.usp.br/agen/?p=57632>

Caderno / Página:

Assunto: Cientistas identificam novos genes de inseto polígrafo

## Cientistas identificam novos genes de inseto polígrafo

Caio Albuquerque, da Assessoria de Comunicação da Esalq

[caiora@esalq.usp.br](mailto:caiora@esalq.usp.br)



Mariposa consegue contornar os efeitos deletérios dos inibidores de protease

Analisados como fontes de resistência a insetos herbívoros, os inibidores de protease (IPs) estão presentes constitutivamente nas plantas, mas têm sua expressão aumentada em função da presença de herbivoria, danos mecânicos ou a exposição à fitohormônios exógenos. “Eles vêm sendo associados a danos no desenvolvimento larval, mas nem sempre associados à morte do herbívoro e, ao que se observa, os insetos estão selecionando formas de driblar essa barreira dos hospedeiros. Como exemplo, a mariposa *Spodoptera frugiperda*, um inseto polífago, mostra capacidade em contornar os efeitos deletérios dos IPs de soja por uma capacidade intrínseca de sintetizar de novo enzimas do tipo tripsina, menos sensíveis a inibição, e de aumentar a secreção de enzimas sintetizadas antes do ataque. Essa parece ser uma estratégia bastante frequente e pode explicar a base da capacidade dos insetos polifágicos em se alimentar de diferentes espécies de plantas”, comentou o biólogo Marcelo Brandão, autor do estudo *Caracterização Estrutural da interação de Serino Proteinases de Spodoptera frugiperda (Lepidoptera: Noctuidae) e Inibidores de Proteinases de Plantas*.

Brandão atua no laboratório de Biologia Molecular de Plantas, do Departamento de Genética (LGN) da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (Esalq) da USP, em Piracicaba. Em parceria com a equipe do pesquisador Goran Neshich, do laboratório de Biologia Computacional da EMBRAPA Informática Agropecuária, desenvolveu um trabalho com objetivo de identificar novos genes de serino proteinases digestivas (quimotripsinas e tripsinas) do inseto-praga *Spodoptera frugiperda* e analisá-los do ponto de vista estrutural e de expressão gênica.

### Resultados

Duas novas quimotripsinas e três novas tripsinas foram identificadas a partir de uma biblioteca de cDNA construída e, juntamente com mais 10 genes já conhecidos que codificam estas enzimas foram submetidos à análise de expressão gênica por PCR em tempo real. Essas análises foram realizadas com o tecido intestinal de lagartas alimentadas por 48 horas com dieta artificial contendo inibidores de proteinases de soja. Entre essas duas famílias de serino proteinases os genes que codificam as quimotripsinas apresentaram uma regulação positiva mais ampla do que aqueles que codificam as tripsinas.

“Para os estudos estruturais das moléculas foram construídos modelos tridimensionais das quimotripsinas estudadas a partir de modelagem por homologia além de análises de dinâmica molecular e docagem com oito diferentes inibidores de proteinases”, conta o biólogo Marcelo Brandão, autor do estudo. “Os resultados mostraram que havia uma variação dentro das quimotripsinas quanto à afinidade desta pelo inibidor de soja”.

A pesquisa evidenciou que a serino proteinase com uma das maiores afinidades pelo inibidor é a que apresentava o maior aumento relativo de expressão. “Isso nos levou a comparar a superfície da interface entre inibidor e protease de todas as proteínas envolvidas neste trabalho”, aponta Brandão. “Esta análise apontou a presença, nesta interface, de uma serina duplicada no sítio de apresentação ligado a especificidade do inibidor com a proteína em três das serino proteinase, incluindo a proteína com maior aumento relativo da expressão e maior afinidade, anteriormente descrita”.

## **Defesa**

Finalmente, um experimento de troca desta serina pelos aminoácidos Alanina e Valina reduziram drasticamente a afinidade destes inibidores pelo inibidor. “Isso nos leva a levantar a hipótese de que os insetos se valem de uma estratégia para burlar os mecanismos de defesa no qual uma das proteínas possui uma alta afinidade aos inibidores, se ligam fortemente a estes e reduzem a quantidade de moléculas deste inibidor no meio, livrando o caminho para outras proteinases atuarem normalmente no processo digestivo do animal”, conclui o biólogo.

O trabalho foi indicado como melhor pôster apresentado na 40ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Bioquímica e Biologia Molecular (SBBq), realizada em Foz do Iguaçu (PR). “Nosso trabalho tem como foco o estudo de um inseto praga importante da agricultura nacional, de maneira que utilizamos ferramentas de biologia computacional de última geração. Foi uma surpresa e um orgulho termos recebido o prêmio de melhor trabalho do encontro”, ressalta o pesquisador.

**Mais informações: (19) 3429-4442 begin\_of\_the\_skype\_highlighting (19) 3429-4442 end\_of\_the\_skype\_highlighting**