



IDENTIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA DE GENES DA GLUTATIONA PEROXIDASE EM (*MANIHOT ESCULENTA*) CRANTZ

RAFAEL DA SILVA PAIVA; ALINE MEDEIROS LIMA; ADRYANA TRABASSOS DOS SANTOS; ELIZA DE JESUS BARROS DOS SANTOS

Introdução: A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é cultivada em inúmeros países apresentando grande importância socioeconômica, no entanto, a sua produção pode sofrer prejuízos econômicos quando a planta está exposta a patógenos. Nesse contexto, os vegetais em resposta ao estresse biótico recorrem a genes envolvidos a tais sinais, como o gene da peroxidase (POD) que constitui uma classe de enzimas oxidoreduzases que possui a função de catalisar a oxidação do substrato utilizando o poder oxidante do peróxido de hidrogênio. **Objetivo:** Portanto, este estudo tem como objetivo identificar e caracterizar *in silico*, famílias de genes da glutathione peroxidase de mandioca (*MePOD*). **Material e métodos:** Para a metodologia este estudo utilizou as sequências de aminoácidos obtidas no programa *Phytosome*. Estas foram observadas quanto a presença dos domínios conservadores através do servidor *InterPro*, quanto a similaridade com proteínas de estruturas já descritas, utilizando a ferramenta de busca do *NCBI – Blast* e quanto a presença do peptídeo sinal, foi utilizado os programas *SignalP* e o *Phorbium prediction*. **Resultados:** Após as análises foram identificados quinze sequências de aminoácidos que possuem domínios conservadores característicos de proteínas da família da peroxidase. As sequências foram nomeadas de *MePOD1* a *MePOD15*. Embora algumas sequências proteicas apresentem a mesma quantidade de aminoácidos como os genes *MePOD5*, *MePOD6*, *MePOD7*, *MePOD8*, *MePOD10*, *MePOD11*, *MePOD12*, *MePOD15*. Estas quando alinhadas no programa *Clustaw* apresentam diferenças na composição de aminoácidos apresentando com isso, diferentes isoformas. Ao observar as sequências proteicas dos quinze genes nos programas *SignalP* e *Phorbium prediction* só foi possível identificar a presença do peptídeo sinal em seis sequências de aminoácidos, os genes identificados quando analisados no programa *Blast*, apresentaram similaridade superior a 80% com genes que codificam proteínas de peroxidase de outros vegetais que se expressam durante os processos metabólicos. **Conclusão:** Conclui-se, portanto, que a família de genes da Glutathione peroxidase na mandioca possuem 15 isoformas e estas compartilham um alto grau de homologia. Porém, muitas etapas deste tipo de defesa ainda não foram totalmente estudadas por isso este trabalho visa contribuir para o preenchimento de tais lacunas nesses tipos de pesquisas.

Palavras-chave: Análise de sequências, Genética, Mandioca.