



# XXV Congresso de Iniciação Científica da Unicamp

18 a 20 Outubro Campinas | Brasil



2017



## Evolução das serino peptidases dentro da ordem Lepidoptera e a identificação de possíveis alvos de miRNAs em *Spodoptera frugiperda*

BRUNO GAZETA F. ROSA\*, FRANCIÉLLE M. DUARTE\*, LUCAS G. POLONI, FELIPE CIAMPONI, NATÁLIA F. MURAD, LUIZA MAGALDI, KARINA L. DA SILVA-BRANDÃO, KATLIN B. MASSIRER, MARCELO M. BRANDÃO.

\*Estes autores contribuíram igualmente para a realização e conclusão deste trabalho

### Resumo

Inicialmente, o estímulo para construção deste projeto foi o problema das pragas agrícolas, tendo em vista as grandes perdas de plantações de interesse econômico e social por herbivoria. Um dos principais causadores deste impacto são as mariposas da ordem noctuidae, pois, em sua fase larval, apresentam um comportamento de herbívora sendo assim consideradas pragas agrícolas ao se alimentarem de culturas agrícolas comerciais. Assim, este projeto foi executado em duas vertentes, uma estudando as relações evolutivas das Serino Peptidases - as principais enzimas digestivas destes insetos e alvo dos mecanismos de defesa anti-herbivoria das plantas; e outra identificando um conjunto de prováveis miRNAs em *Spodoptera frugiperda* (Insecta; Lepidoptera; noctuidae), bem como, seus possíveis alvos no transcriptoma deste inseto. Os resultados deste trabalho servirão para o estudo e entendimento de possíveis alvos de controle biológico destas pragas a partir de técnicas moleculares.

### Palavras-chave:

Bioinformática, serino peptidases, filogenia.

### Introdução

Com o avanço da Bioinformática e Biologia Computacional, as explorações de determinados dados biológicos não precisam ser feitos em laboratórios clássicos, estão disponíveis dados de qualidade que foram gerados em torno do mundo em grandes bancos de dados de acesso público.

As Serino Peptidases (SP) são as mais abundantes enzimas digestivas no intestino dos lepidópteros e estão ligadas a diferentes processos biológicos nestes animais indo da digestão do bolo alimentar ao controle da ecdise. Estas enzimas são alvo dos processos de anti-herbivoria propagados pelas plantas que, ao serem atacadas, estimulam a produção de inibidores destas, ocasionando a restrição da obtenção energética pelos insetos.

Durante décadas as regiões não-codificadoras do genoma foram consideradas "DNA lixo". Atualmente, entretanto, sabe-se que a propagação da informação biológica é muito mais complexa e que a maior porção do transcriptoma produzido pelo genoma de eucariotos é composta por RNAs não-codificadores com função regulatória. Dentre as classes de RNAs não-codificadores, destacam-se os microRNAs.

### Resultados e Discussão

Em nosso laboratório já estavam disponíveis os transcriptomas de cinco espécies de lepidópteros sendo elas: *Alabama argilacea* (ALA), *Utetheisa ornatrix* (UTT), *Diatraea saccharalis* (DIA), *Heliothis virescens* (HEL), *Spodoptera frugiperda* (SPD), já com funções anotadas e seus campos de transcrição ligados às proteínas enzimáticas. Estes dados foram os pontos de partida de todas as análises aqui apresentadas.

A figura 1 apresenta uma proposta de evolução das Serino Peptidases (SP) dentro do grupo Lepidoptera. Cada cor representa uma classe de enzimas, sendo elas, Verde ATPases, Amarelo Lipases, Vermelho Tripsinas e Quimotripsina e Azul proteínas não identificadas.

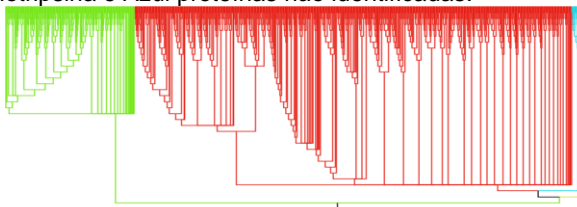


Figura 1. Cladograma proposto para as relações evolutivas entre as SP da ordem Lepidoptera.

Tabela 1: Vias funcionais onde foram identificados alvos no transcriptoma de *S. frugiperda*.

Glycolysis / Gluconeogenesis	Ascorbate and aldarate metabolism	Pentose and glucuronate interconversions
Metabolic pathways	Fructose and mannose metabolism	Pyruvate metabolism
Caffeine metabolism	Galactose metabolism	Amino sugar and nucleotide sugar metabolism
Histidine metabolism	Valine, leucine and isoleucine degradation	Hippo signaling pathway - fly
Mucin type O-Glycan biosynthesis	Lysine degradation	Ubiquitin mediated proteolysis
MAPK signaling pathway - fly	Fatty acid degradation	Peroxisome
beta-Alanine metabolism	Drug metabolism - other enzymes	Carbon metabolism
Propanoate metabolism	Arginine and proline metabolism	Ribosome
Mismatch repair	Starch and sucrose metabolism	Protein processing in endoplasmic reticulum
Tryptophan metabolism	Glycerolipid metabolism	Purine metabolism

### Conclusões

A evolução das SP, aparentemente, não acompanha a evolução taxonômica dos indivíduos da ordem Lepidoptera. As diferentes enzimas digestivas parecem ter evoluído convergentemente, independentes do nível de fagia ou grau de relação taxonômica, buscando obtenção de energia a partir da digestão mais eficiente para cada característica do bolo alimentar de cada espécie.

Os nossos resultados apresentam um cenário de possível controle dos processos de metabolização de aminoácidos e ácidos nucléicos com a utilização de tecnologia de silenciamento por miRNA e ainda identifica ortólogos de SP de interesse para biotecnologia abrindo assim uma possibilidade e controle biológico desta e de outras pragas.

### Agradecimentos

A Pró reitoria de Pesquisa da UNICAMP (PRP), ao Centro de Biologia Molecular e Engenharia Genética (CBMEG).