

A bioinformática na identificação de genes

Madalena Vaz e Lurdes Jorge

ESA-IPB, CIMO

Com o objectivo de identificar genes, avaliaram-se nove EST (“Expressed Sequence Tag”) de uma biblioteca de cDNA de *Trichoderma harzianum*.

Numa primeira etapa, as ESTs foram sequenciadas, sendo as sequências analisadas com programas bioinformáticos de análise de similaridade em bancos de dados, utilizando ferramentas como Blast P e Fasta X.

Identificaram-se duas ESTs que se enquadravam nos objectivos, sendo uma delas a EST-1279, usada para a completa elucidação do gene *lip2* de *Trichoderma harzianum*, cuja sequência pode ser acedida na base de dados com os códigos de acesso AM774154.

O gene *lip2* de *Trichoderma harzianum* sequenciado apresenta 1992 pb, sendo a sua ORF (“open reading frame”) constituída por 1215 nucleótidos. Estão sequenciados 550 pb da região do promotor e 229 pb do terminador.