



XXII Encontro de Genética do Nordeste

ENGENE

V SNGHM | I GENÉTICA NA PRAIA | III SNGF
27 a 30 de Novembro de 2018 | Natal -RN

ANAIS 2018



Realização



Genômica, Bioinformática e Biologia de Sistemas

CARACTERIZAÇÃO ESTRUTURAL DE PEPTÍDEOS ANTIMICROBIANOS DA CLASSE CISTATINA EM ACESSOS DE VIDEIRA INOCULADOS COM *XANTHOMONAS CITRI* PV. *VITICOLA*

Autores: Marianne Firmino de Oliveira¹; Roberta Lane de Oliveira Silva¹; João Pacífico Bezerra Neto¹; Andreia Cristiny Cezarino de Araújo¹; Nataniel Franklin de Melo²; Ana Maria Benko-Iseppon¹;

E-mail para correspondência: marianneoliveira93@gmail.com

Instituições: ¹Universidade Federal de Pernambuco; ²Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa Semiárido;

Palavras-chave: AMP; *Xanthomonas citri*; *Vitis*

Apoio: CNPq; CAPES.

As cistatinas são conhecidas por ser uma família de inibidores de cisteínas proteases e compreendem um grupo de peptídeos antimicrobianos (*Anti-Microbial Peptides* - AMPs) que apresenta atividade antibacteriana. Em plantas, as cistatinas possuem uma classe especial chamada de fitocistatina, caracterizada pela presença de uma alfa hélice N-terminal, específica em vegetais. Estudos recentes têm sugerido que as fitocistatinas podem atuar no processo de defesa contra o ataque de patógenos e como reguladoras do dobramento de proteínas. No entanto, pouco se sabe sobre a função desse grupo de AMP em videira sob estresse biótico, especialmente no que se refere à infecção por *Xanthomonas citri* pv. *viticola*. Nesse contexto, o objetivo do presente trabalho foi identificar e caracterizar sequências candidatas à cistatinas em acessos de *Vitis* spp. inoculados com *X. citri*. A análise usou modelos referentes às cistatinas, depositados no banco de dados CAMP (*Collection of Anti-Microbial Peptides*; www.camp.bicnirrh.res.in/), específico para peptídeos antimicrobianos. As sequências candidatas foram submetidas à ferramenta *AMP-identifier* visando identificar possíveis homólogos a esta família no transcriptoma de videira por meio de alinhamentos baseados em modelos probabilísticos do HMMER. As sequências foram anotadas, traduzidas e tiveram seus domínios identificados com o auxílio do CD-search. A predição do ponto isoelétrico (pI) e do peso molecular foi realizada utilizando o JVirGel 2.0, a localização subcelular através do Cell-PLoc 2.0 e as pontes dissulfeto por meio do Dianna. A predição da atividade antimicrobiana foi realizada no CAMP R3 (<http://www.camp.bicnirrh.res.in/index.php>). Foram identificadas quatro sequências candidatas para cistatina com domínios completos em *Vitis*, as quais possuem pI entre 5,39 e 9,01, peso molecular variando entre 25,24 e 39,54 kDa, localização subcelular predita para o vacúolo, cloroplasto ou núcleo, apresentando de cinco a sete pontes dissulfeto. A predição da atividade antimicrobiana nos parâmetros *Support Vector Machine (SVM)*, *Random Forest Classifier* e *Discriminant Analysis Classifier* aproximou-se de 1, indicando que as sequências possuem alto potencial antimicrobiano. Deste modo, foi possível caracterizar candidatos a cistatinas que possivelmente participam do processo de defesa vegetal em videira submetida à infecção pela bactéria *X. citri*, disponibilizando informações importantes para futuras pesquisas envolvendo esta classe de peptídeos antimicrobianos na cultura.