

**CARACTERIZAÇÃO ESTRUTURAL DA FAMÍLIA GÊNICA GRAS EM VITIS
SPP. INOCULADAS COM XANTHOMONAS CITRI**

Brunara Evely De Araujo Lima (brunara.evely@hotmail.com)

Jayslane Santos Da Silva (jayslanesantos67@gmail.com)

Jéssica Barboza (jessica.ufpebio@gmail.com)

Natoniel Franklin De Melo (natoniel.melo@embrapa.br)

Ana Maria Benko-Iseppon (ana.iseppon@gmail.com)

Roberta Lane De Oliveira Silva (lane.roberta@gmail.com)

Os fatores de transcrição (FTs) da família GRAS são específicos de plantas e codificam reguladores transcricionais que possuem diversas funções no crescimento e desenvolvimento das plantas, como na formação de meristema axilares caulinares, padronização radial da raiz, manutenção do meristema, transdução de sinal e na resposta a estresses ambientais. Dessa forma, o presente trabalho buscou identificar e caracterizar transcritos codificadores de proteínas GRAS expressas no transcriptoma de acessos de videira contrastantes quanto a resistência a *Xanthomonas citri* pv. *viticola*. Sequências sondas da família gênica GRAS foram obtidas do banco de dados iTAK e alinhadas via tBLASTn no transcriptoma de *Vitis* spp., adotando um E-value de $=-5$. A identificação da região de codificação das proteínas foi realizada pelo ORFfinder e a busca por domínios e motivos conservados com o auxílio do Batch CD-search e MEME, respectivamente. A predição do peso molecular (p.M) e ponto isoelétrico (p.I) foi realizada por meio do JVirGel 2.0 e a

localização subcelular das sequências proteicas pelo WolfPsort. Foram obtidos 48 transcritos GRAS em videira. Desse total, 44 apresentaram o domínio GRAS completo e quatro transcritos apresentaram quebra na região N ou C-terminal, sendo excluídos das análises posteriores. A análise de motivos conservados indicou que os resíduos [LHRIL] e [SAW] estavam presentes e conservados em *Vitis* spp. Os FTs GRAS apresentaram p.M entre 10,345 e 89,146 kDa e p.I de 4,32 a 9,7, com 93,75 % dos transcritos apresentando características ácidas, sugerindo que as proteínas GRAS atuam, majoritariamente, nesse meio. Além disso, 56,25 % das proteínas GRAS estavam direcionadas para o núcleo celular, enquanto que os demais transcritos estavam distribuídos em pelo menos três compartimentos celulares (citoplasma, cloroplasto e retículo endoplasmático). Apesar de iniciais, os resultados obtidos neste estudo disponibilizam novas informações acerca dos FTs GRAS em videira sob estresse biótico, assim como sugerem uma possível atuação dessa família gênica no processo de defesa da espécie frente a bactéria *X. citri*. No entanto, análises de expressão diferencial via PCR em tempo real ainda serão conduzidas para validação dos dados *in silico*.