

ANÁLISES DE SEQUÊNCIAS DE PROTEÍNAS INDUTORAS DE NECROSE E ETILENO (NEP) EM *Moniliophthora perniciosa*

SANTOS, Maria Luíza do Carmo¹; LOPES, Natasha dos Santos²; DIAS, Cristiano Villela³; PIROVANI, Carlos Priminho⁴; ALVIM, Fátima Cerqueira⁵

RESUMO

Introdução: *Moniliophthora perniciosa* (*Mp*) é o agente etiológico da vassoura-de-bruxa (VB) no *Theobroma cacao*, uma doença que afeta em grande escala a produção dos frutos. Dentre os elicitores produzidos pelo *Mp* durante a interação com *Theobroma cacao*, estão as proteínas indutoras de necrose e etileno (*Nep-like proteins* ou NEP). *Mp* possui cinco genes que codificam proteínas NEP (*MpNEP*). Sabe-se que o gene 2 possui maior expressão durante a necrose na VB. Contudo, pouco se conhece sobre essas proteínas e seus mecanismos de ação. **Objetivo:** Realizar a caracterização molecular das proteínas *MpNEPs in silico*. **Material e métodos:** As sequências dos genes (NEP1 - EF109894.1; NEP2 - EF114673.1; NEP3 - EF164925.1; NEP4 - JN545833.1; NEP5 - JN545834.1) de *Mp* foram obtidas a partir da plataforma NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>), utilizando o BLASTp para obtenção das sequências de resíduos de aminoácidos correspondentes. A fim de investigar as diferenças e similaridades entre *MpNEPs*, as cinco sequências das proteínas foram alinhadas no servidor *Clustal Omega* (<https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/>) e comparadas. Foram utilizados *softwares online* SignalP 4.1, NetNGlyc, NetPhos 2.0 e NetAcet 1.0, cujos servidores são fornecidos pelo ExpASY. O peso molecular, ponto isoelétrico e regiões de desordem foram preditos em Compute pI/Mw e PODR[®], respectivamente. A localização sub-celular foi predita utilizando o programa MultiLoc2-HighRes (<https://abi.inf.uni-tuebingen.de/Services/MultiLoc2>). **Resultados:** As análises *in silico* comparando as cinco sequências de resíduos de aminoácidos de *MpNEPs* mostraram que as proteínas possuem regiões conservadas além das que caracterizam a família, com fosforilações preditas localizadas nos mesmos sítios e em sítios diferentes entre as sequências, sítios de N-glicosilação apenas nas proteínas *MpNep1* e *MpNep5*. As análises revelaram a presença de peptídeo sinal em *MpNEP1-3*, a predição dos pontos isoelétricos variaram entre 5.79-8.28 e o peso molecular foi característico da família NLP (24-26kDa), bem como localização vacuolar, exceto a *MpNEP2* já preditos em estudos anteriores. Ainda, possuem 2 à 6 possíveis regiões intrinsecamente desordenadas de 13 à 23 resíduos de aminoácidos em longas extensões, podendo ser domínios importantes para essas proteínas exercerem sua função. **Conclusão:** Os resultados demonstram regiões que podem ser alvos relevantes para estudos futuros da função dessas proteínas, bem como do seu modo de ação.

Palavras-chave: *in silico*; *MpNEP*; patossistema; vassoura-de-bruxa.

¹ Universidade Estadual de Santa Cruz, Ilhéus, Bahia. E-mail. mluizadocarmo@gmail.com

² Universidade Estadual de Santa Cruz, Ilhéus, Bahia. E-mail. natasha.ls@hotmail.com

³ Universidade Estadual de Santa Cruz, Ilhéus, Bahia. E-mail. c.villeladias@gmail.com

⁴ Universidade Estadual de Santa Cruz, Ilhéus, Bahia. E-mail. pirovanicp@gmail.com

⁵ Universidade Estadual de Santa Cruz, Ilhéus, Bahia. E-mail. alvim@uesc.br