

Agronomia - Fitopatologia

IDENTIFICAÇÃO e CARACTERIZAÇÃO do BAK1 (Brassino-steroid insensitive-associated kinase) NO GENOMA DE Coffea Canephora

Lucas Tiago Araújo Américo - 9º módulo de Agronomia, UFLA, iniciação científica PIBIC.

Mário Lúcio Vilela de Rezende - Orientador DFP, UFLA. - Orientador(a)

Mariana de Lima de Santos - Coorientadora DFP, UFLA

Lorena Gracielly de Almeida Souza - Mestranda DFP, UFLA

Resumo

Os receptores de reconhecimento de padrões (PRRs) reconhecem elicitores microbianos denominados padrões moleculares associados a patógenos (PAMPs). Estes PRRs ativam a primeira linha de defesa, a PTI. Sabe-se que diferentes PAMPs desencadeiam a PTI por meio de PRRs distintos, entretanto muitos destes PRRs se associam a co-receptores em comum, a exemplo do BAK1, também conhecido como SERK3. O nocaute de BAK1 em plantas afeta o reconhecimento eficiente de PAMPs, mostrando a importância desse co-receptor nas respostas do tipo PTI. Portanto, o objetivo deste trabalho foi identificar e caracterizar, *in silico*, o BAK1 no genoma de *C. canephora*. Para isso, as sequências de BAK1 descritas em *Arabidopsis thaliana* (At4g33430) e *Solanum lycopersicum* (SERK3A - KC261564 e SERK3B - KC261565), disponíveis no TAIR e NCBI, respectivamente, foram utilizadas como referência para análises BLASTp contra as proteínas preditas do genoma de *C. canephora* (Coffee Genoma Hub South Green). Os melhores hits foram selecionados para uma análise filogenética juntamente com BAK1/SERK3 descritos em outras espécies de plantas. Estas sequências de proteínas foram alinhadas e a árvore filogenética foi construída. Posteriormente, a sequência candidata teve seus domínios proteicos caracterizados utilizando o SMART e a região transmembrana predita por meio do Deep TMHMM versão 1.0.13. Seis sequências (Cc02t21820.1, Cc10t06160.1, Cc07t15010.1, Cc07t04770.1, Cc11t15400.1, Cc06t14290.1) foram selecionadas como melhores hits. A porcentagem de identidade destas sequências variou de 50 a 89%, enquanto os valores de similaridade variaram de 65 a 93%. A análise filogenética demonstrou que a sequência Cc02t21820.1 apresenta maior proximidade com as proteínas de referência utilizadas e ortólogos de BAK1 descritas em outras espécies de plantas, sendo, portanto, selecionada como sequência candidata a BAK1 em *C. canephora*, localizada no cromossomo dois e codifica a proteína com 617 aa. As análises utilizando o SMART e Deep TMHMM mostraram que esta proteína apresenta região extracelular com repetições ricas em leucina e um domínio de quinase intracelular, além de uma alta probabilidade (100%) de apresentar um domínio transmembrana. Conclui-se que a sequência Cc02t21820.1 apresenta características proteicas de BAK1 e está filogeneticamente próxima a ortólogos desse co-receptor descrito em plantas, podendo, por isso, ser utilizada como alvo de estudos moleculares da interação entre *C. canephora* e fitopatógenos.

Palavras-Chave: Resistência basal, Receptores de membrana, Interação molecular planta-patógeno.

Instituição de Fomento: CNPq, CAPES, FAPEMIG e INCT- Café

Link do pitch: <https://youtu.be/5T-gIHVoPD0?si=wMhXBCVErWAK-0Sh>