

Simpósio de Integração Acadêmica

Inteligência Artificial: A Nova Fronteira da Ciência Brasileira
SIA UFV Virtual 2020



Análise e validação de interações entre proteínas de *Hemileia vastatrix* e de cafeeiro associadas ao processo de resistência

Universidade Federal de Viçosa

Pedro Ricardo Rossi Marques Barreiros¹; Laércio Zambolim¹; Dênia Pires de Almeida²; Isabel Samila Lima Castro²; Tiago Antônio de Oliveira Mendes³; Eveline Teixeira Caixeta⁴

Departamento de Fitopatologia - UFV¹; Laboratório de Biotecnologia do Cafeeiro - UFV²; Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular - UFV³; Embrapa Café⁴.

pedro.barreiros@ufv.br; laerciozambolim@gmail.com; denia_pires@hotmail.com; samilalcastro@gmail.com; tiagomgmendes@yahoo.com.br; eveline.caixeta@embrapa.br.

Grande Área: Ciências Agrárias - Área Temática: Genética - Categoria: Pesquisa

Palavras-chave: Interatoma; interação planta-patógeno; ferrugem do cafeeiro

Introdução

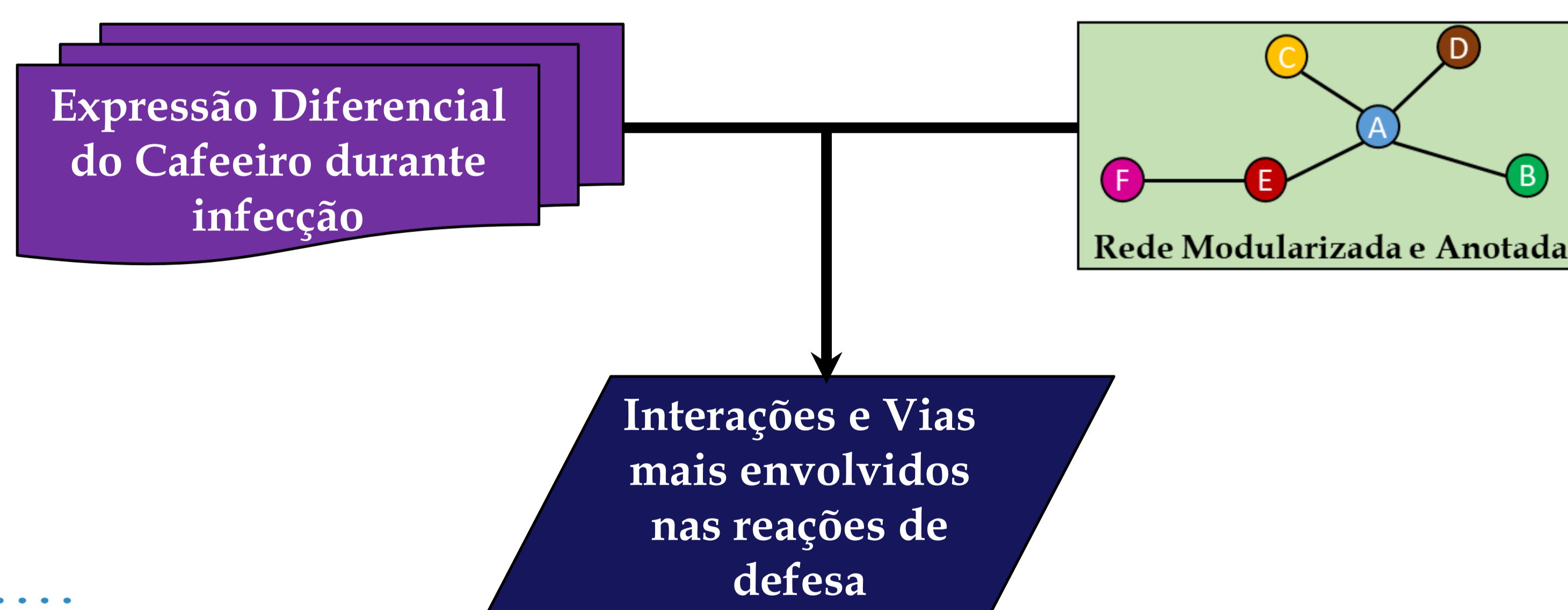
A ferrugem do cafeeiro, causada pelo fungo *Hemileia vastatrix*, é a principal doença da cultura e acomete lavouras de café a nível mundial. O uso de variedades resistentes tem se mostrado uma opção mais econômica e sustentável no controle da doença. A compreensão dos princípios fisiológicos e moleculares que envolvem a interação de *H. vastatrix* com o cafeeiro é imprescindível para alcançar uma resistência duradoura, dada a natureza complexa dos fatores genéticos associados aos processos de infecção e defesa.

Objetivos

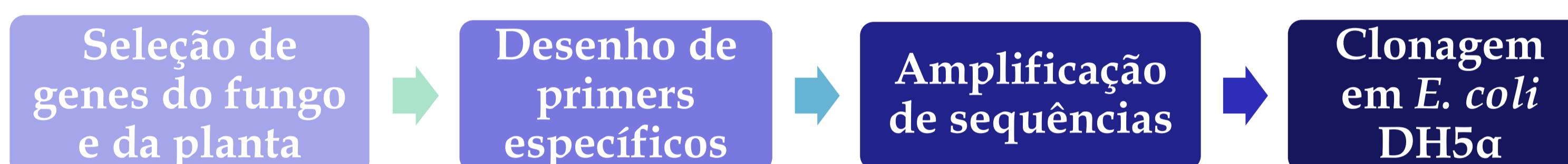
Este trabalho propôs a análise da rede de interação de proteínas entre *H. vastatrix* e cafeeiro, por meio de dados de transcriptômica e expressão diferencial entre cafeeiro resistente e suscetível, durante a infecção, para a identificação de módulos e genes potencialmente associados à resistência. Ainda, buscou-se iniciar a validação experimental de interações previstas pela rede.

Material e Métodos

➤ Análise da rede de interação de proteínas



➤ Validação de interações proteicas



Resultados e Discussão

Os módulos 3, 7, 8 e 15 apresentaram maior porcentagem de genes de cafeeiro *up-regulated* em variedade resistente. Esses módulos estão associados às vias de transporte de cloreto, biossíntese de glucuronato, metabolismo do ácido monocarboxílico e montagem da cadeia respiratória, respectivamente.

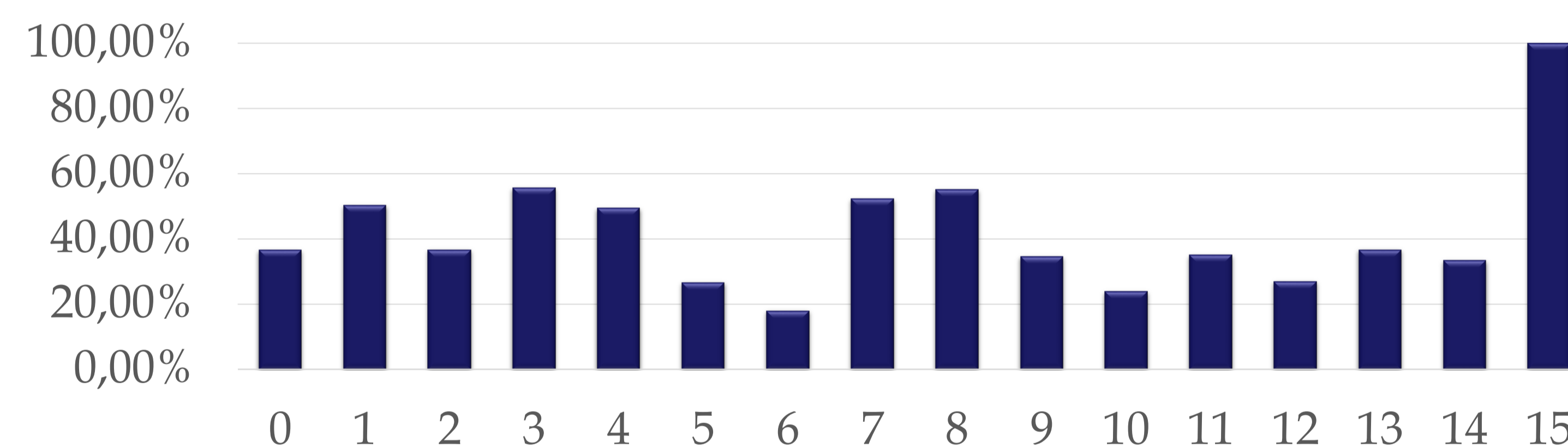


Figura 1 - Porcentagem de genes de cafeeiro *up-regulated* em variedade resistente dentro de cada módulo de interação

Foram identificados 353 genes potencialmente associados à resistência pré-haustorial e 13 genes potencialmente associados à resistência pós-haustorial.

Conclusões

Os dados de transcriptômica permitiram a identificação das vias metabólicas, dentro da rede, com maior atuação durante o processo de defesa. Os resultados encontrados sugerem uma maior presença de genes associados à resistência pré-haustorial. Os genes de cafeeiro e de *H. vastatrix*, selecionados para a validação, foram clonados com sucesso em colônias de *Escherichia coli* estirpe DH5α.

Apoio Financeiro e Agradecimentos

