



## Caracterização *in silico*, relacionamento filogenético e perfil de expressão de defensinas e LTPs em cana-de-açúcar

Leandro de Oliveira Silva<sup>1</sup>, Jacymara Lopes Pereira<sup>1</sup>, Lídia da Silva Pereira<sup>2</sup>, Valdirene Moreira Gomes<sup>2</sup>, Paulo Cavalcante Gomes Ferreira<sup>3</sup>, Clicia Grativol<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Química e Função de Proteínas e Peptídeos, Centro de Biociências e Biotecnologia, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil; <sup>2</sup>Laboratório de Fisiologia e Bioquímica de Microrganismos, Centro de Biociências e Biotecnologia, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil; <sup>3</sup>Laboratório de Biologia Molecular de Plantas, Instituto de Bioquímica Médica, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, RJ, Brasil

A cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) é um cultivar de grande importância econômica, sendo empregada principalmente na produção de açúcar e etanol. É um híbrido resultante do cruzamento entre *Saccharum officinarum* e *Saccharum spontaneum*. Os mecanismos moleculares responsáveis pelas distintas capacidades de defesa dos híbridos ainda não foram completamente elucidados, sendo os peptídeos antimicrobianos (AMPs) moléculas com grande potencial de combate a organismos patogênicos. Este trabalho teve como objetivo caracterizar dois deles, defensinas e as proteínas transportadoras de lipídeos (LTPs), no genoma do cultivar SP70-1143 e em transcriptomas de espécies selvagens (*S. spontaneum* e *S. officinarum*) e híbridos (SP70-1143, RB867515 e RB72454) de cana-de-açúcar. A metodologia envolveu análises de sequências genômicas e transcriptômicas por meio de bioinformática, análises de bibliotecas de RNA-seq publicadas e predição da estrutura terciária das proteínas identificadas. Foram identificados seis genes de defensinas e nove de LTPs em cana-de-açúcar. As proteínas preditas exibiram os resíduos de aminoácidos conservados típicos, e as árvores de relacionamento filogenético dessas sequências sugerem conservação entre monocotiledôneas e eudicotiledôneas. A análise das regiões promotoras nos permitiu identificar fatores de transcrição característicos de proteínas relacionadas à patogênese. Análises de expressão de transcritos de defensinas e LTPs em bibliotecas de transcriptoma de cana-de-açúcar submetida à infecção por *Acidovorax avenae* mostraram aumento de expressão desses dois AMPs. Análises de expressão de transcritos de defensinas e LTPs em biblioteca de transcriptoma de cana-de-açúcar submetida a déficit hídrico e inoculação com a bactéria benéfica *Gluconacetobacter diazotrophicus* sugerem que defensinas e LTPs parecem responder mais ao déficit hídrico do que à bactéria benéfica. A modelagem tridimensional de defensinas e LTPs de diferentes cultivares e espécies selvagens de cana-de-açúcar mostrou alta conservação tridimensional entre elas. A caracterização de defensinas e LTPs em cana-de-açúcar forneceu as bases iniciais para um maior entendimento dos mecanismos de defesa dos diferentes híbridos, contribuindo para posteriores estudos e obtenção de novos cultivares.

Palavras-chave: *Saccharum* spp., Defensinas, LTPs.

Instituição de fomento: CAPES e FAPERJ