

Estudo dos mecanismos moleculares de interação de *Moniliophthora perniciosa* com os cultivares TSH 1188 e Catongo de *Theobroma cacao*

Joice de Faria Poloni¹, Fabienne Micheli², Diego Bonatto³, Daniel Luís Notari⁴

1- Centro de Biotecnologia, UCS; 2- Centro de Biotecnologia e Genética, UESC;
3- Centro de Biotecnologia, UFRGS; 4- Centro de Computação e Tecnologia da Informação, UCS

Introdução

No Brasil, os diferentes cultivares de cacau (*Theobroma cacao*) são prejudicados por uma doença chamada "vassoura-de-bruxa". Esta doença é causada pelo fungo *Moniliophthora perniciosa*, que rapidamente propaga-se através de basidiósporos por toda a lavoura cacauera, impossibilitando e/ou deprimindo o seu desenvolvimento.

Em vista dos crescentes danos econômicos causados por *M. perniciosa* nas plantações de cacau, estudos têm sido desenvolvidos para entender os padrões de expressão gênica e os eventos de sinalização na cultura durante a infecção pela vassoura-de-bruxa.

Metodologia

-Foram analisados os níveis de RNA das amostras na interação *M. perniciosa-T. cacao* por tempo de inoculação usando macroarray;
-A partir dos dados de expressão transcriptômica de *T. cacao* foram traduzidos pelo programa **BLASTX** [<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>], para obtenção de proteínas ortólogas do organismo *A. thaliana*;
- Bancos de dados de literatura científica foram analisados para obtenção de dados relacionados às proteínas de resistência a patógenos, como os programas **STRING 8.3** [<http://string.embl.de>] e **TAIR** [<http://www.arabidopsis.org/>];
- O desenho de redes binárias a partir da mineração de dados foi realizado com o programa **Cytoscape versão 2.7.0**. Os plugins MCODE e BiNGO serão responsáveis pela análise de agrupamentos e ontologia gênica, respectivamente.

Resultados

TSH 1188

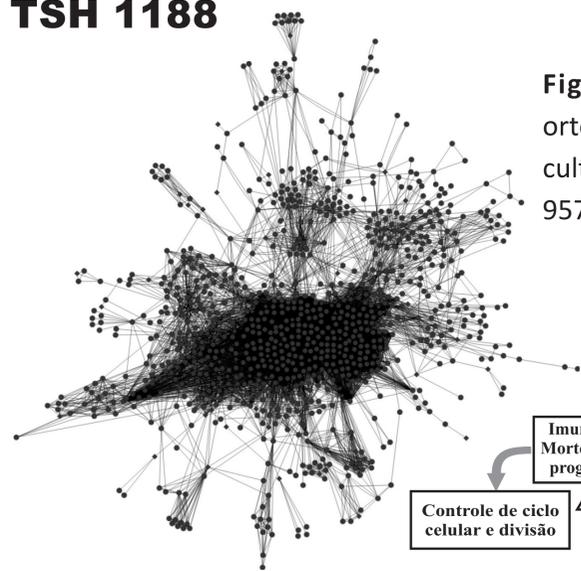
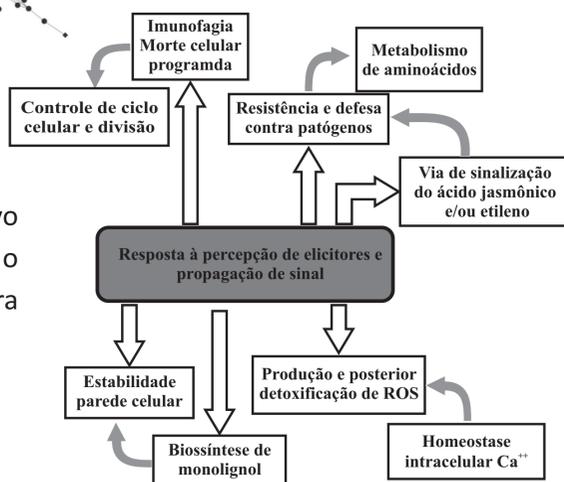


Fig. 1: Rede proteômica de ortólogos de *A. thaliana* para a cultivar TSH 1188 apresentando 957 proteínas e 14.768 conexões.

Fig. 2: Esquema representativo das interações protéicas do modelo *Arabidopsis thaliana* para TSH 1188.



Estágio Inicial vs Controle	30 ddi vs Controle	60 ddi vs Controle
		Autofagia
	Resistência	
Produção de ROS		Detoxificação
		Sinal. ác. jasmônico
		Est. parede celular

ddi: dias depois da inoculação

Fig.3: Representação temporal dos processos principais ativados para o cultivar TSH 1188 conforme o tempo de inoculação.

Discussão

Conforme a análise dos dados interatômicos foi possível perceber que os processos relacionados a cultivar TSH 1188 infectada envolvem como processo inicial de defesa o aumento de ROS e ativação de proteínas de resistência por elicitores, seguido da estabilidade da parede celular e autofagia.

No entanto, o cultivar Catongo apresenta como resposta à infecção um estado de estresse celular constante e uma resposta tardia dos mecanismos de defesa, que incluem a síntese de compostos fenólicos, sinalização mediada por auxina e atividade proteossômica.

Os dados obtidos poderão esclarecer aspectos relacionados à interação patogênica entre *T. cacao* e *M. perniciosa*, de forma a gerar informações para o estabelecimento de um plano de controle para a "vassoura-de-bruxa".

Catongo

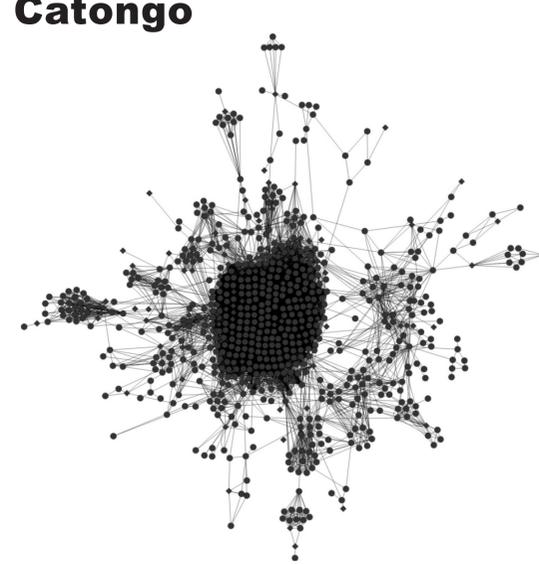
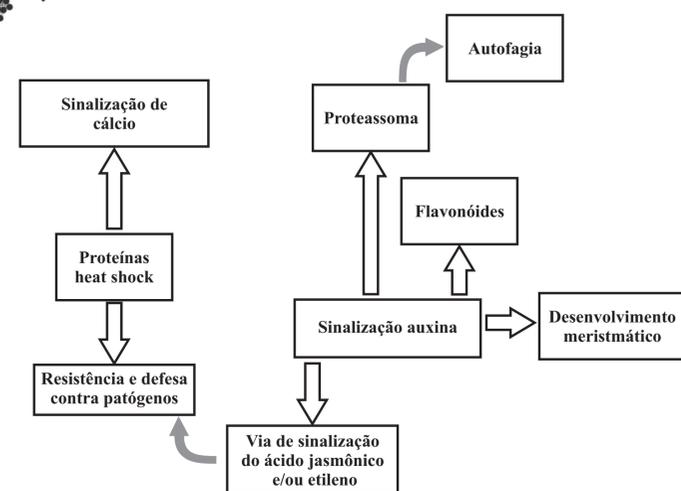


Fig. 4: Rede proteômica de ortólogos de *A. thaliana* para a cultivar TSH 1188 apresentando 736 proteínas e 13.084 conexões.

Fig. 5: Esquema representativo das interações protéicas do modelo *Arabidopsis thaliana* para Catongo.



Estágio Inicial vs Controle	30 ddi vs Controle	60 ddi vs Controle
	Resistência	
	Estresse	
Prot. ribossomais		Prot. ribossomais
		Proteassoma
		Autofagia
		Sinalização de auxina
		Sinalização de ác. jasmônico/etileno
		Des. meristemático
		Flavonóides

ddi: dias depois da inoculação

Fig. 6: Representação temporal dos processos principais ativados para o cultivar Catongo conforme tempo de inoculação.

Agradecimentos

