

RESUMO APRESENTAÇÃO ORAL PADRÃO - CENTRO DE CIÊNCIAS DA
SAÚDE (CCS)/MICROBIOLOGIA

**ESTUDO DO PAPEL DE ARGINIL T-RNA TRANSFERASE NA
RESISTÊNCIA A VÍRUS DE PLANTAS**

Fernanda Barreiro Brito (feernanda_barreiro@hotmail.com)

Anna Karoline Fausto Da Silva (anna.karol@gmail.com)

Maite Vaslin De Freitas Silva (maite@micro.ufrj.br)

Segundo a ABRAPA (Associação Brasileira dos Produtores de Algodão), o Brasil é um dos cinco maiores produtores mundiais do algodão comercial (*Gossypium hirsutum*) (ABRAPA, 2020). Por isso, patogenias que promovem perdas agrícolas desse vegetal geram grandes prejuízos econômicos e necessitam de maior atenção. Um exemplo é a Doença Azul do Algodoeiro (DA), cujo agente causal (Cotton Leafroll Dwarf Virus – CLRDV) foi isolado pelo nosso grupo, que também vem estudando os mecanismos de resistência a esse vírus presente em determinadas variedades de algodão. Nesse estudo, foram identificadas as ORFs CBD1 e CBD2 entre os marcadores moleculares para o locus de resistência. A proteína codificada em CBD2 apresenta homologia com Arginil t-RNA Transferase (ATE), presente na planta modelo *Arabidopsis thaliana* (Fausto, 2016). Essa molécula atua na via N-end-rule, levando à ubiquitinação e degradação de proteínas via proteassoma, sendo um possível mecanismo de defesa vegetal anti-viral. Logo, o presente estudo busca observar se a superexpressão de ATE torna *A. thaliana* resistente às infecções por Potato virus X (PVX) e Tobacco rattle virus (TRV). Para isso, foram crescidas agrobactérias transformadas em meio Luria Bertani (LB)

líquido à 28 °C por 24h contendo os antibióticos de seleção. Posteriormente, foi feita a semeadura por esgotamento desse inóculo em meio LB sólido à 28 °C por 48h. Essas estirpes apresentam os genomas de PVX e TRV conjugados à Green Fluorescent Protein (GFP) em seu vetor binário, respectivamente. As colônias foram utilizadas para a agroinfiltração de *A. thaliana* wild type e transgênica para a superexpressão de Atate1 (genes que codificam ATE). O estabelecimento das infecções local e sistêmica foi observado pela emissão de fluorescência por GFP sob luz UltraVioleta. As amostras vegetais foram coletadas, maceradas e submetidas à extração de RNA e Transcrição Reversa. O cDNA formado foi utilizado para a técnica de qPCR (método comparativo 2-ddCt) (Schmittgen & Livak, 2008) para o diagnóstico molecular viral e análise da expressão de ATE. Como resultados, através da análise da expressão dos genes TGB2 de PVX e CP de TRV, foi possível observar que as duas espécies virais tiveram sua replicação e/ou espalhamento reprimido sistemicamente nas plantas que superexpressam a proteína ATE-1 (35S:ATE1).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABRAPA - ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS PRODUTORES DE ALGODÃO. Números do Algodão. Disponível em: <<http://www.abrapa.com.br/estatisticas/Paginas>>. Acesso em: 27 de maio de 2020.

Fausto, A.K.S. (2016). Identificação e análise funcional do gene de resistência associado à doença azul do algodoeiro. Tese (Doutorado em Biotecnologia Vegetal) - Centro de Ciências da Saúde, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro.