



## XXXVI CONGRESSO PAULISTA DE FITOPATOLOGIA

Instituto Biológico - São Paulo, SP - 19 a 21 de Fevereiro de 2013

**ANÁLISE IN SILICO DE PROTEÍNAS RELACIONADAS À RESISTÊNCIA A LUZ ULTRAVIOLETA DE ESPÉCIES DE *Pseudomonas syringae*** / *In silico* analysis of protein related to resistance to ultraviolet light of *Pseudomonas syringae* species. R.O. ALMEIDA<sup>1</sup>; E.R. LORENZETTI<sup>2</sup>; J.C. BESPALHOK FILHO<sup>3</sup>  
<sup>1</sup>PGAPV UFPR, <sup>2</sup>IFET-MG, <sup>3</sup>PGAPV UFPR E-mail: rodrigo.oliveira@ufpr.br.

A bactéria *Pseudomonas syringae* provoca perdas significativas nas culturas, seja na qualidade ou em produtividade. Grande quantidade de informações dessa bactéria estão depositadas em bancos de dados públicos, como National Center for Biotechnology Information (NCBI). O objetivo do trabalho foi analisar, *in silico*, as sequências proteicas relacionadas à resistência a luz ultravioleta de espécies de *Pseudomonas syringae* quanto à similaridade. Sequências proteicas das espécies *Pseudomonas syringae* (patovares *syringae*, *tomato*, *oryzae*, *aesculi*, *avellanae* e *glycinea*) oriundas do GenBank foram utilizadas neste trabalho. *Scripts* para a solução de problemas biológicos computacionais em linguagem de programação Perl foram desenvolvidos para selecionar somente as proteínas de interesse nesse estudo, após utilizar o algoritmo blast all against all (e-value máximo de  $1e^{-40}$ ). Encontrou-se alta similaridade entre as proteínas RulA e peptidase (S24, S26A e S26B). Os resultados demonstram que as proteínas envolvidas na resistência a luz ultravioleta destas bactérias são altamente conservadas, diferindo apenas em poucos aminoácidos e em tamanho.

Agradecimentos: À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES)