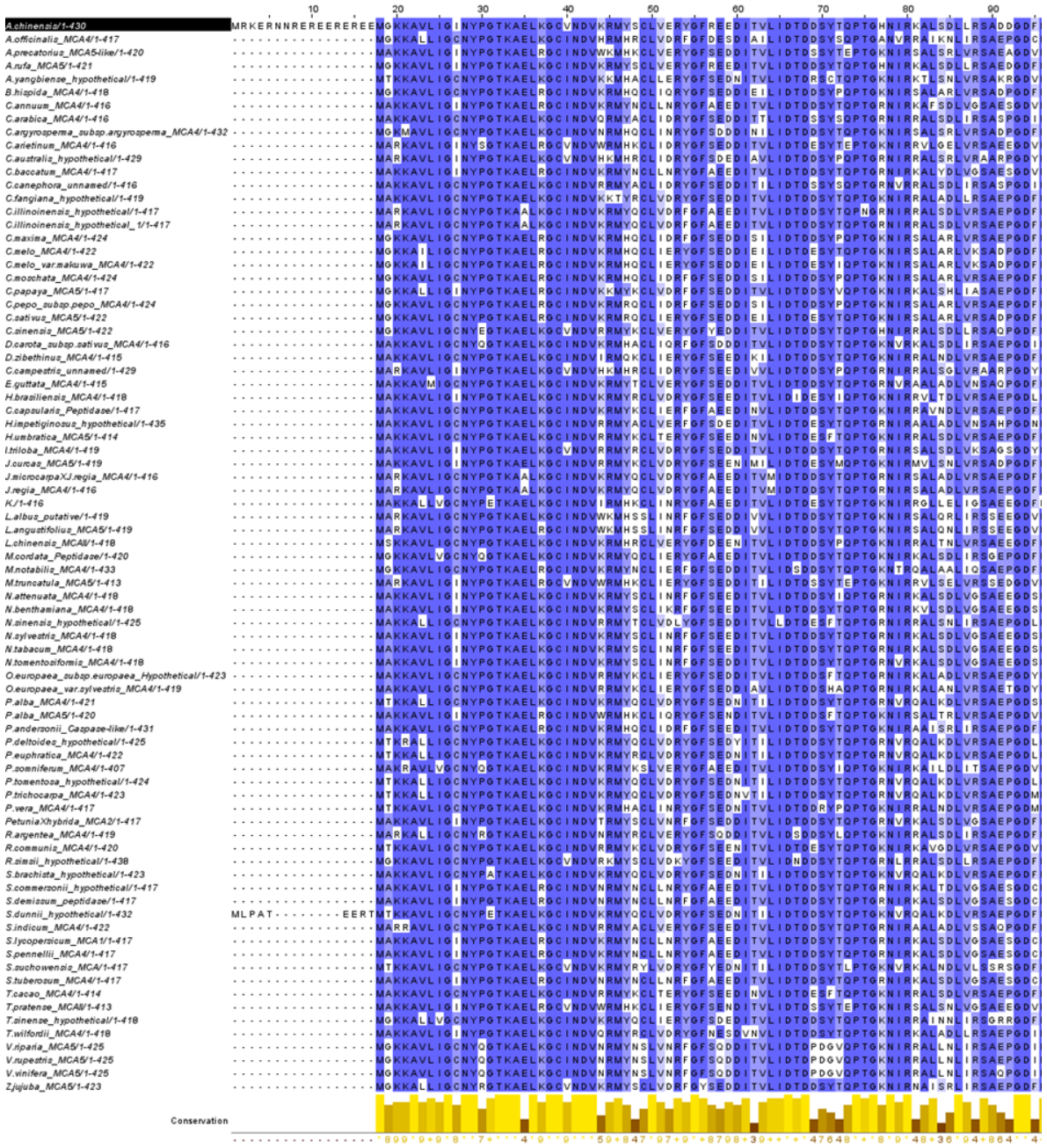
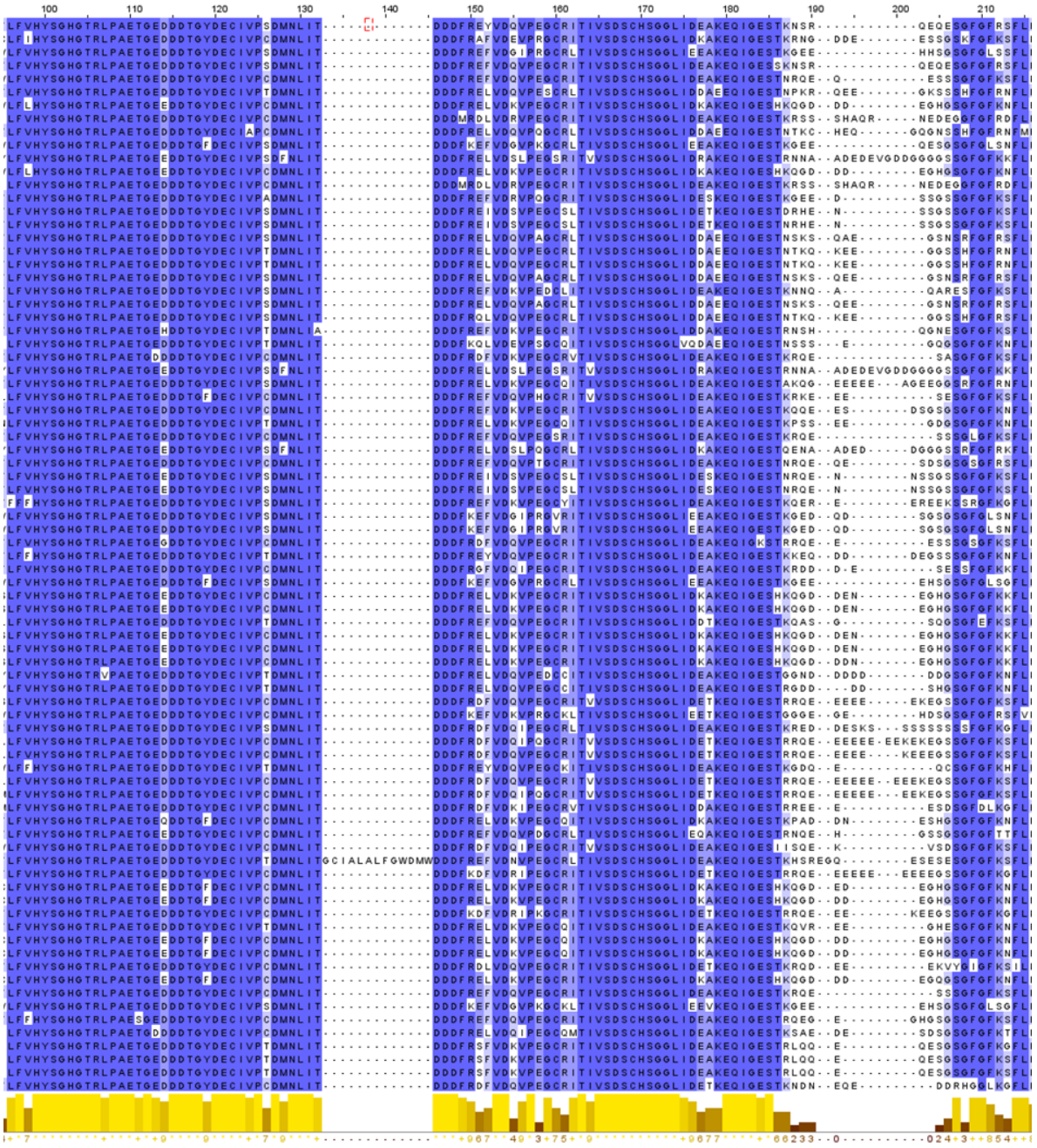
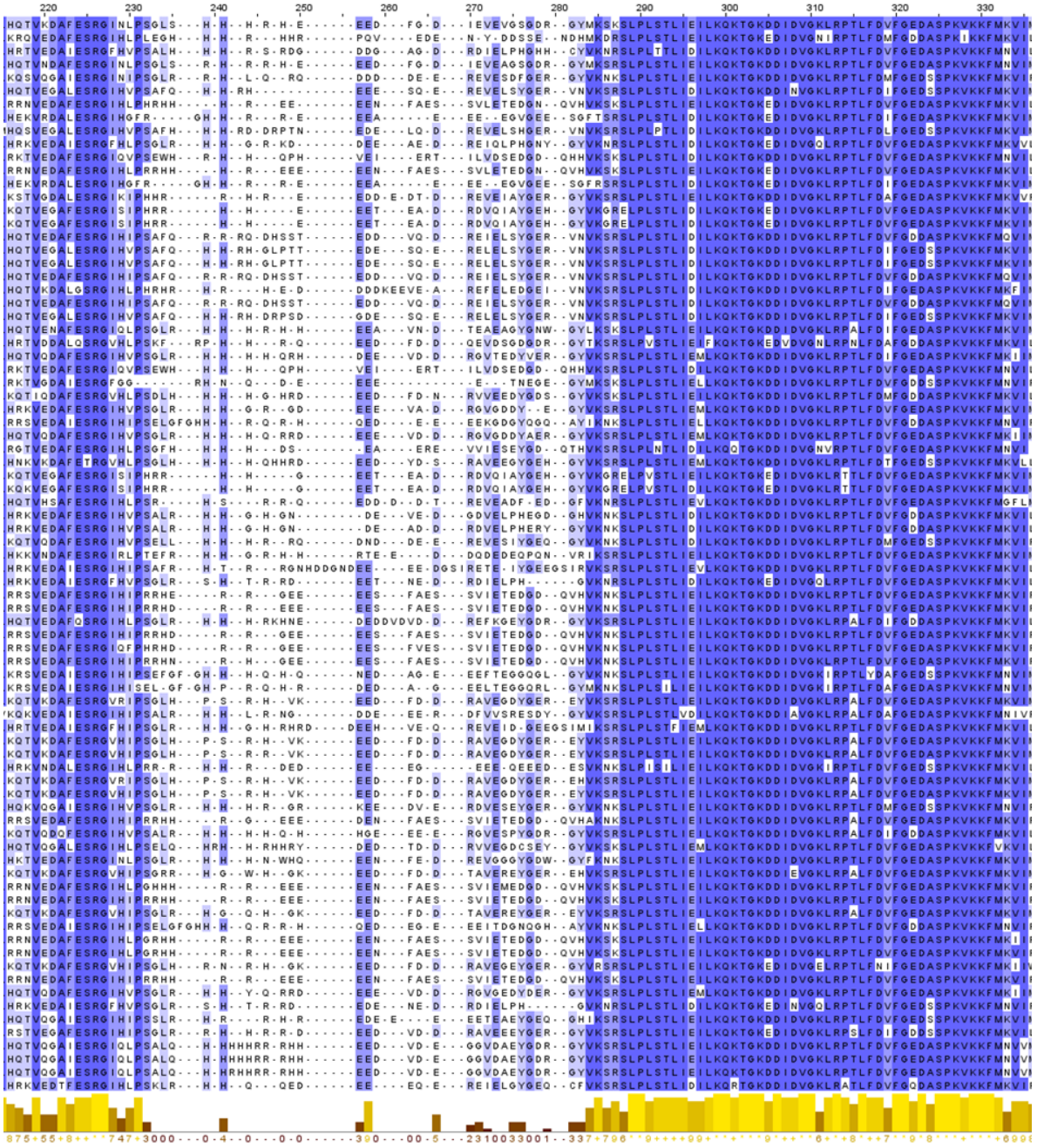
A2 - Material suplementario: Análisis bioinformático de una cisteín proteasa presente en plantas de *Nicotiana benthamiana*, la proteína Metacaspasa 4.

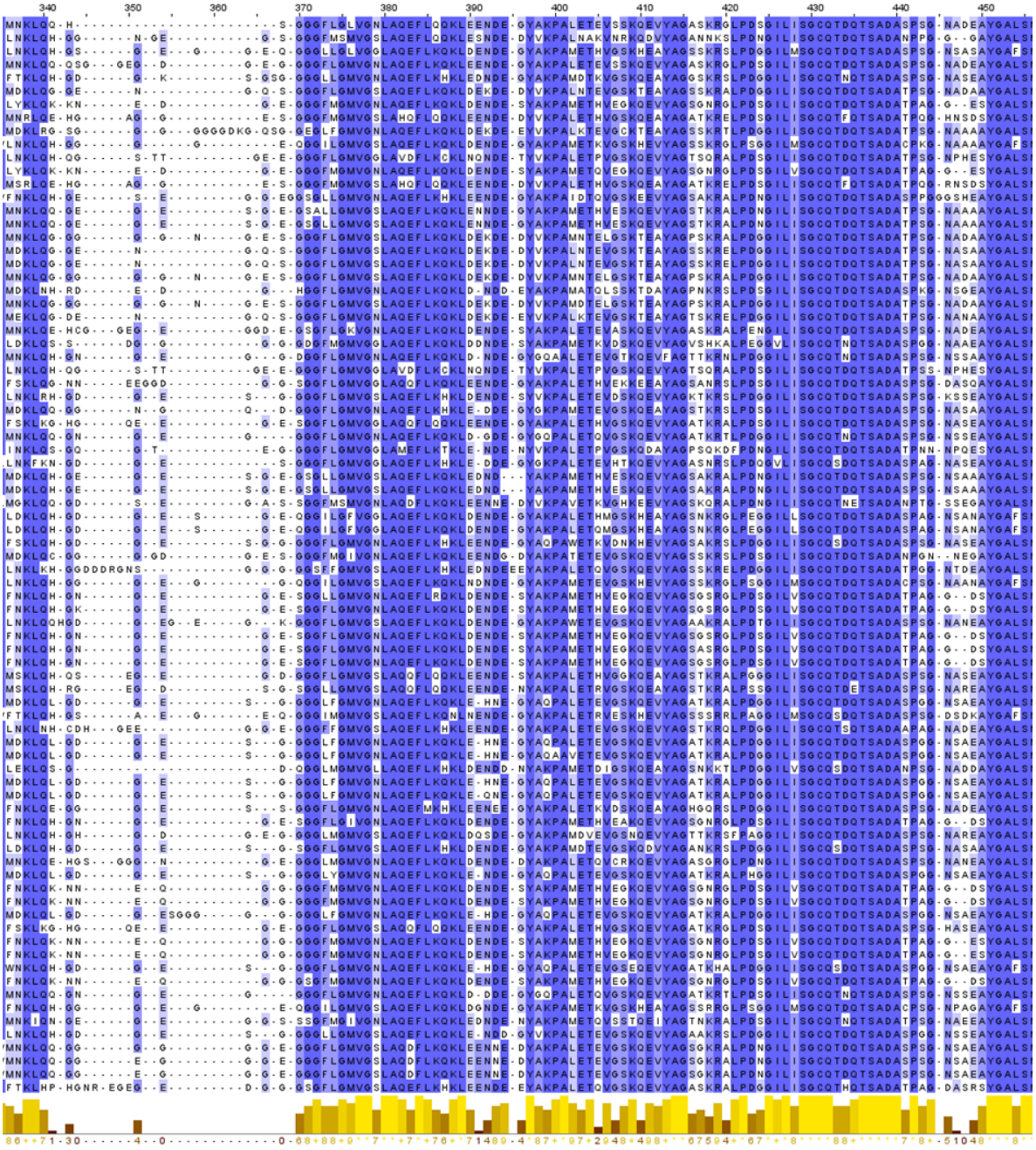
Figuras Suplementarias

Figura S1. Predicción de estructuras secundarias a partir de la secuencia primaria a partir de la plataforma Quick2d. Las referencias por colores se observan en el extremo inferior.


10
20
30
40
50
60
70
80
90
A.chinensis/1-430
A.officinalis_MCA4/1-417
A.precatorius_MCA5-like/1-420
A.rufa_MCA5/1-421
A.yangbiense_hypothetical/1-419
B.hispida_MCA4/1-418
C.annuum_MCA4/1-416
C.arabica_MCA4/1-416
C.argyrospema_subsp.argyrospema_MCA4/1-432
C.arietinum_MCA4/1-416
C.australis_hypothetical/1-429
C.baccatum_MCA4/1-417
C.canephora_unnamed/1-416
C.fangiana_hypothetical/1-419
C.illinoinensis_hypothetical/1-417
C.illinoinensis_hypothetical_1/1-417
C.maxima_MCA4/1-424
C.melo_MCA4/1-422
C.melo_var.makuwa_MCA4/1-422
C.moschata_MCA4/1-424
C.papaya_MCA5/1-417
C.pepo_subsp.pepo_MCA4/1-424
C.sativus_MCA5/1-422
C.sinensis_MCA5/1-422
D.carota_subsp.sativus_MCA4/1-416
D.zibethinus_MCA4/1-415
C.campestris_unnamed/1-429
E.guttata_MCA4/1-415
H.brasiliensis_MCA4/1-418
C.capsularis_Peptidase/1-417
H.impetiginosus_hypothetical/1-435
H.umbratica_MCA5/1-414
I.triloba_MCA4/1-419
J.curcas_MCA5/1-419
J.microcarpaXJ.regia_MCA4/1-416
J.regia_MCA4/1-416
K/1-416
L.albus_putative/1-419
L.angustifolius_MCA5/1-419
L.chinensis_MCA4/1-418
M.cordata_Peptidase/1-420
M.notabilis_MCA4/1-433
M.truncatula_MCA5/1-413
N.attenuata_MCA4/1-418
N.benthamiana_MCA4/1-418
N.sinensis_hypothetical/1-425
N.sylvestris_MCA4/1-418
N.tabacum_MCA4/1-418
N.tomentosiformis_MCA4/1-418
O.europaea_subsp.europaea_Hypothetical/1-423
O.europaea_var.sylvestris_MCA4/1-419
P.alba_MCA4/1-421
P.alba_MCA5/1-420
P.andersonii_Caspase-like/1-431
P.deltoides_hypothetical/1-425
P.euphratica_MCA4/1-422
P.somniferum_MCA4/1-407
P.tomentosa_hypothetical/1-424
P.trichocarpa_MCA4/1-423
P.vera_MCA4/1-417
PetuniaXhybrida_MCA2/1-417
R.argentea_MCA4/1-419
R.communis_MCA4/1-420
R.simsii_hypothetical/1-438
S.brachista_hypothetical/1-423
S.commersonii_hypothetical/1-417
S.demissum_peptidase/1-417
S.dunnii_hypothetical/1-432
S.indicum_MCA4/1-422
S.lycopersicum_MCA1/1-417
S.pennellii_MCA4/1-417
S.suchowensis_MCA/1-417
S.tuberosum_MCA4/1-417
T.cacao_MCA4/1-414
T.pratense_MCA4/1-413
T.sinense_hypothetical/1-418
T.wilfordii_MCA4/1-418
V.riparia_MCA5/1-425
V.rupestris_MCA5/1-425
V.vinifera_MCA5/1-425
Z.jujuba_MCA5/1-423
Conservation







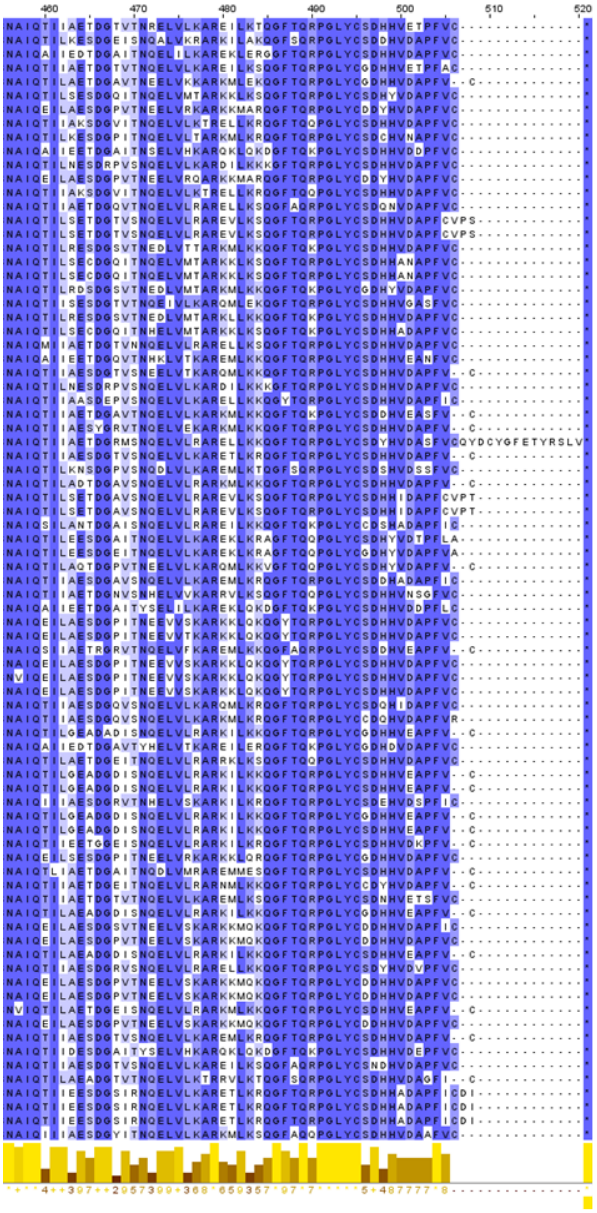


Figura S2. Alineamiento múltiple entre NbMCA4 y 81 homólogas. El gráfico amarillo indica el nivel de conservación de los aminoácidos, al igual que la mayor intensidad en el color azul.Se indica el género y especie de cada proteína.

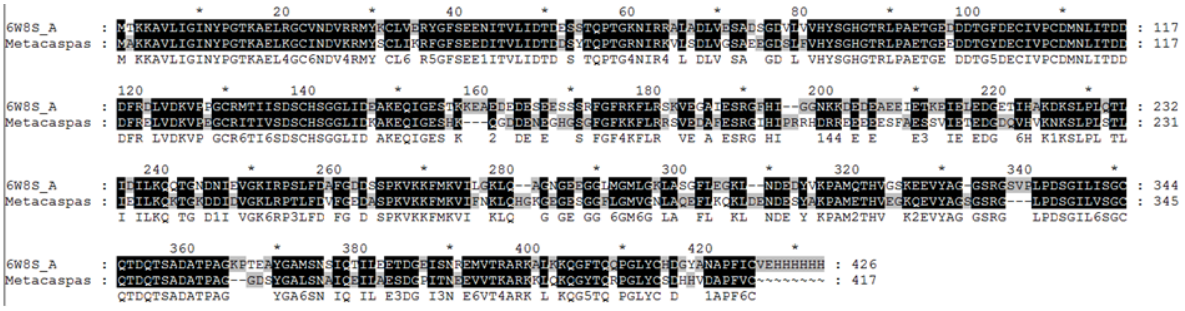


Figura S3. Alineamiento de a pares entre NbMCA4 y su homóloga con estructura conocida, AtMCA4 (Código PDB 6W8S).

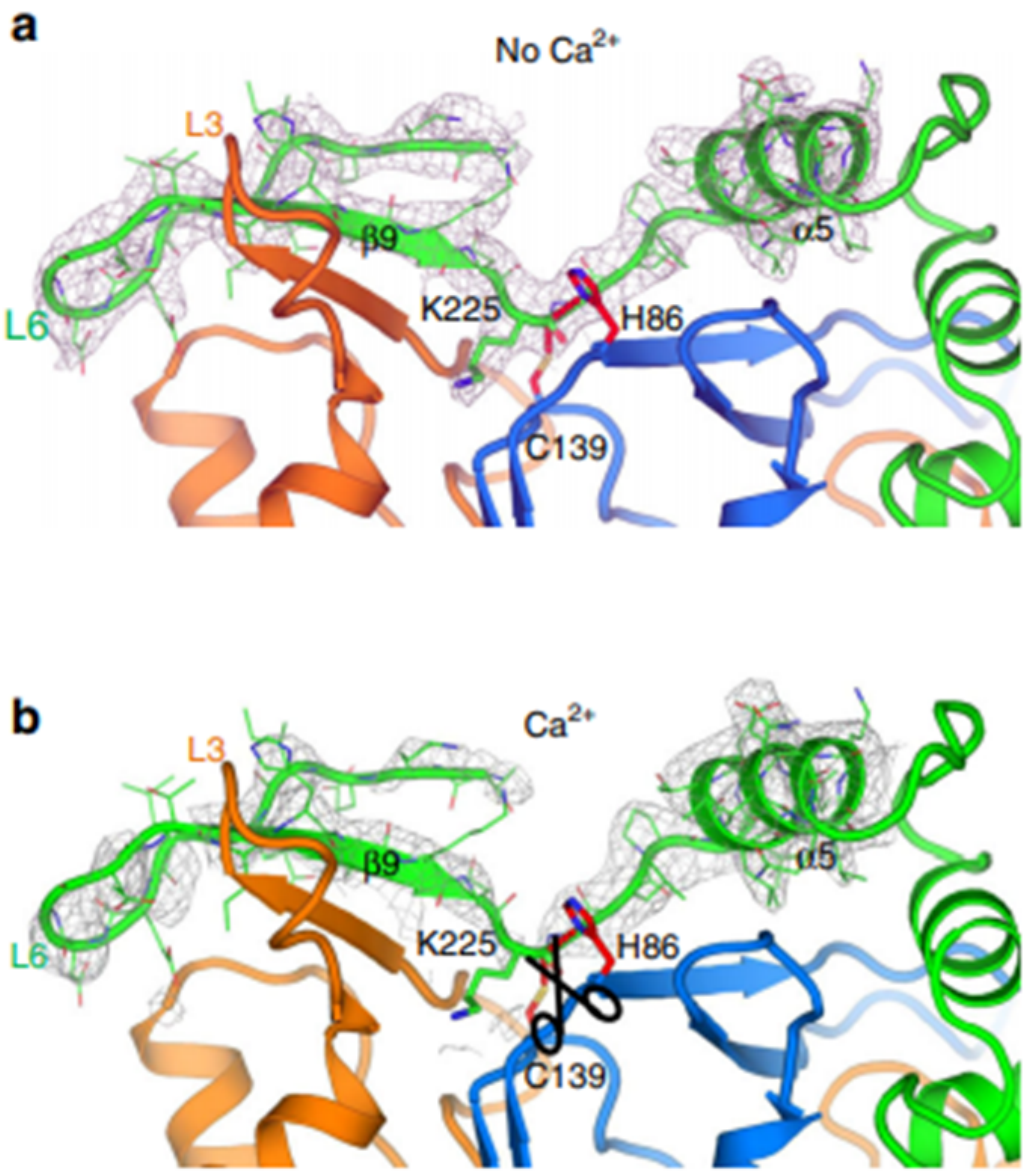


FIgura S4. Estructura cristalizada de la proteína AtMCA4 con los residuos del sitio activo (H86 y C139) y el sitio de clivaje (K225) marcados. a. Proteína no tratada. **B.** Microcristales de la proteína tratada con Ca^{+}, activando el clivaje en K225. *Imagen original tomada de Zhu et al. 2020.*