

Predição *in silico* de efetores de *Fusarium decemcellulare*, agente causal do superbrotamento do guaranazeiro

Steffany Souza Chagas¹; **Adhemar Zerlotini Neto**²; **Gilvan Ferreira Silva**³; **Fernanda Fatima Caniato**⁴

¹Bolsista. Universidade Federal do Amazonas. Av. Gen. Rodrigo Octávio 6200, Coroado, 69080-900-Manaus, AM; ²Pesquisador. Embrapa Informática Agropecuária. Av. Dr. André Tosello, 209-Cidade Universitária, Campinas-SP, 13083-886; ³Pesquisador. Embrapa Amazônia Ocidental. Rodovia AM-010, Km 29, (Estrada Manaus/Itacoatiara), 69010-970, Manaus, AM; ⁴Docente. Universidade Federal do Amazonas. Av. Gen. Rodrigo Octávio 6200, Coroado, 69080-900-Manaus, AM.

Resumo

O guaranazeiro é uma planta nativa da Amazônia de grande importância econômica e social para o estado do Amazonas, onde a sua produção vem sendo comprometida por doenças fúngicas, como o superbrotamento causado por *Fusarium decemcellulare*. No presente estudo conduzimos a predição *in silico* de efetores no secretoma deste importante patógeno do guaranazeiro. As análises foram conduzidas no genoma completo dos isolados CPAA-F200 e CPAA-F307 de *F. decemcellulare* (SISGEN Nº A6DEE0E), visando identificar candidatos a efetores potencialmente relacionados à sua patogênese que possam contribuir para o seu controle. O número de proteínas preditas como secretadas foram (CPAA-F200: 1335 vs. CPAA-F307: 1316). Do secretoma predito dos isolados CPAA-F200 e CPAA-F307 de *F. decemcellulare*, 537 proteínas foram declarados candidatos a efetores por possuírem características comuns a efetores, incluindo: comprimento de sequência (≤ 200 aa) & conteúdo de cisteína $\geq 3\%$ (CPAA-F200: 158 e CPAA-F307: 162) e presença do motivo Y/W/FxC (CPAA-F200: 129 e CPAA-F307: 144). Foram incluídos como candidatos a efetores aqueles resultantes da predição pelo EffectorP (CPAA-F200: 455 e CPAA-F307: 441) e aqueles que apresentam identidade de sequência com efetores conhecidos da PHI-base (CPAA-F200: 11 e CPAA-F307: 5). Foram identificadas proteínas com domínios presentes nos efetores já descritos na literatura: Ecp6, LysM3, Ecp2, FGL1, AGLIP1, AvrLm4, MoCDIP4, MgSM1 e AVR-Pita e domínios associados à patogênese em outros fungos: domínio CFEM (*common in fungal extracellular membranes*, PF05730), domínio CVNH (CyanoVirin-N, PF08881). O estudo forneceu um total de 537 candidatos a efetores entre os isolados CPAA-F200 e CPAA-F307 de *F. decemcellulare*, que direcionarão a continuidade do estudo acerca dos seus envolvimento na patogênese deste importante patógeno do guaranazeiro.

Palavras-Chave: *Paullinia cupana* var. *sorbilis*; interação planta-patógeno; hiperplasia floral.