

ANÁLISE COMPARATIVA DE GENES EFETORES COM BASE NO GENOMA COMPLETO DE *Pseudopestalotiopsis theae* E *Pseudopestalotiopsis gilvanii*

BAIA, Frankyrley Laison¹; CANIATO, Fernanda Fátima²; YAMAGISHI, Michel E. Beleza ⁴; NETO, Adhemar Zerlotini⁴; ³QUEIROZ, Cláudia Afras de; SILVA, Gilvan Ferreira³

¹Instituto Nacional de Pesquisa da Amazônia – INPA; ²Universidade Federal do Amazonas – UFAM; Embrapa Amazônia Ocidental – CPAA; ⁴Embrapa Informática Agropecuária

E-mail: laisonbaia@gmail.com

Introdução: O grupo pestalotioides que incluem espécies pertencentes aos gêneros *Pestalotiopsis*, *Neopestalotiopsis* e *Pseudopestalotiopsis*, podem ser encontradas como saprófitas, endofíticas ou fitopatogênicas. No Amazonas recentemente foi identificada e descrita em guaranazeiro a espécie *Pseudopestalotiopsis gilvanii* agente causal manchas foliares que podem ser confundidas com antracnose (1), outro patógeno deste gênero é *Pseudoestalotiopsis theae* (Sawada) Maharachch., K.D. Hyde & Crous (2014) é um fitopatógeno comumente conhecido como agente causal da mancha cinzenta do chá (*Camellia sinensis* e *Theae sinensis*), no entanto, ataca diferentes gêneros de plantas, e para países produtores de chá como Japão e China o patógeno é um grande problema às plantações (2, 3). Os fungos fitopatogênicos utilizam diversas estratégias no processo de infecção e colonização da planta, como por exemplo produção de metabólitos secundários tóxicos e proteínas efetoras que afetam o hospedeiro modificando a estrutura e função da célula, além de impedir a resposta imune do hospedeiro (4). E com o advento das tecnologias de sequenciamento de nova geração e com a facilidade de obtenção de genomas e transcriptomas tornou-se possível a predição e análise *in silico* de enzimas relacionadas a patogenicidade ou virulência e de moléculas efetoras as quais possuem papel fundamental na infecção e isso tornou-se uma alternativa no controle de doenças, sendo estas baseada no bloqueio ou distúrbio da ação das proteínas efetoras (5). Com base nisso, o presente estudo tem como objetivo realizar uma análise comparativa com base no genoma completo de *Ps. theae* e *Ps. gilvanii* de genes que codificam efetores e proteínas degradadoras de carboidratos (Cazymes) visando obter informações sobre os mecanismos utilizados por estes patógenos durante a infecção. **Material e métodos:** O acesso ao patrimônio genético foi autorizado pelo SISGEN N° AB6B14F. O secretoma foi predito a partir do genoma de *Ps. Theae* (CYF27) e do genoma de *Ps. gilvanii* (genoma não público) utilizando a plataforma de bioinformática SignalP 5.0, Phobius e TMHMM 2.0, para predição de Peptídeo Sinal, ScanProsite (Motivo: PS00014 ER_Targeting), e o PredGPI para predição de proteínas secretadas que contêm uma âncora GPI. A anotação funcional do secretoma será feita na plataforma dbCAN HMMER. A predição de candidatos a efetores, foi realizada na plataforma R (Pacote Biostrings) para seleção de sequências com comprimento máximo de 200 aminoácidos e conteúdo mínimo de cisteína de 3%. O software EffectorP 1.0 foi usado em paralelo na predição de candidatos a efetores. E o servidor web de ScanProsite foi usado na seleção de proteínas cujas as sequências apresentam nos primeiros 90 aminoácidos o motivo: [YFW]-x-C), estas serão confirmadas como candidatas a efector (6). **Resultados e Discussão:** Na predição do secretoma utilizando as 5 plataformas, foram identificadas 1.217 de 14.786 sequências de proteínas analisadas para *Ps. theae* e 1.154 de 14722 para *Ps. gilvanii* como possíveis candidatos a efetores. A anotação funcional no dbCAN das 1217 sequências, 327 foram como proteínas degradadoras de carboidratos (Cazymes) em *Ps. theae* e *Ps. gilvanii* das 1.154, 313 são Cazymes com base na similaridade com outras proteínas fúngicas. No Programa R (Pacote Biostrings) foram preditos 78 e 88 proteínas candidatos efetores tendo o conteúdo máximo de 200 aminoácidos e um conteúdo mínimo de cisteína de 3% para *Ps. theae* e *Ps. gilvanii* respectivamente, estes resultados diferem da predição do EffectorP onde foram preditos 360 (*Ps. theae*) e 350 (*Ps. gilvanii*) proteínas candidatos efetores. Já o motivo: [YFW]-x-C), foram localizados em 454 (*Ps. theae*) e 464 (*Ps. gilvanii*). Com base nos resultados acima descritos, foram preditos 698 e 696 candidatos efetores para *Ps. theae* e *Ps. gilvanii* respectivamente.

Apoio: FAPEAM, CNPq, CAPES e EMBRAPA.

REFERÊNCIAS 1. Gualberto, G. F.; Catarino, A. D.; Sousa, T. F.; Cruz, J. C.; Hanada, R. E.; Caniato, F. F.; Silva, G. F. 2021. *Pseudopestalotiopsis gilvanii* sp. nov. and *Neopestalotiopsis formicarum* leaves spot pathogens from guarana plant: a new threat to global tropical hosts. *Phyotaxa*, 489, 121-139. 2. Ding, G.; Jiang, L.; Guo, L.; Chen, X.; Zhang, H.; Che, Y. 2008. Pestalazines and Pestalamides, Bioactive Metabolites from the Plant Pathogenic Fungus *Pestalotiopsis theae*. *Journal of Natural Products*, 71(11), 1861–1865. doi:10.1021/np800357g. 3. Maharachchikumbura, S. S. N., Hyde, K. D., Groenewald, J. Z., Xu, J., Crous, P. 2014. *Pestalotiopsis* revisited. *Stud Mycol*, 79, 121–186. 4. Lo Presti, L., Lanver, D., Schweizer, G., Tanaka, S., Liang, L., Tollot, M., Zuccaro, A., Reissmann, S. and Kahmann, R. 2015. Fungal effectors and plant susceptibility. *Annu. Rev. Plant. Biol.* 66, 513–545. 5. Máximo, H. J. 2018. Identificação e caracterização funcional de candidatos a efetores da família Crinkler de *Phytophthora parasitica*. Campinas, SP. 6. Neu, E. & Debener, T. 2019. Prediction of the *Diplocarpon rosae* secretome reveals candidate genes for effectors and virulence factors. *Fungal Biology*, V. 123, 3, 231-239. <https://doi.org/10.1016/j.funbio.2018.12.003>

