

Predição *in silico* de efetores do patógeno foliar do guaranazeiro *Neopestalotiopsis formicidarum*

Virgínia Maria da Silva Pereira¹; **Adhemar Zerlotini Neto**²; **Gilvan Ferreira Silva**³; **Fernanda Fatima Caniato**⁴

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

Resumo

A cultura do guaraná é de grande importância para a socioeconômica do Amazonas. Entretanto, o guaranazeiro não tem alcançado o seu potencial produtivo no Amazonas devido, entre outros, ao ataque de doenças fúngicas. Não obstante as doenças fúngicas já conhecidas, dois fungos do grupo dos pestalotiídeos foram identificados como agentes causais de doença no guaranazeiro: *Pseudopestalotiopsis gilvanii* e *Neopestalotiopsis formicidarum* que causam lesões foliares necróticas que progridem para queda da folha. Diante da disponibilidade do rascunho do genoma do *N. formicidarum* torna-se possível o seu escaneamento em busca de fatores relacionados à sua patogenicidade e alvos de controle. Conduzimos análises de bioinformática para a identificação de candidatas a efetores no secretoma do *N. formicidarum* (INPA2917). A predição do secretoma foi iniciada pelo escaneamento das 14941 proteínas putativa do genoma do INPA2917 para detecção do peptídeo sinal usando ambos SignalP6.0 e Phobius, associada à ausência de domínio transmembrana conduzida pelo Phobius e TMHMM2.0, que resultou em 1270 proteínas preditas. Foram removidas 14 proteínas com motivos direcionados ao retículo endoplasmático e 122 proteínas com probabilidade de possuírem âncora GPI, o que resultou em 1148 proteínas preditas como secretadas. Do secretoma predito de *N. formicidarum*, 423 proteínas foram declaradas candidatas a efetores por possuírem características comuns a efetores, como: comprimento de sequência (≤ 200 aa) & conteúdo de cisteína $\geq 3\%$ e presença do motivo YWF-x-C. Este estudo forneceu a lista de candidatas a efetores que direcionarão as etapas seguintes do estudo acerca dos seus envolvimento na patogênese do *N. formicidarum* e serão, portanto, avaliadas quanto a expressão gênica diferencial visando compor a lista com as candidatas a efetores mais prováveis para seguir para a etapa de validação gênica.

Palavras-Chave: *Paullinia cupana* var. *sorbilis*; interação planta-patógeno; necrose foliar.