

Identificação e análise de genes efetores do gênero *Neopestalotiopsis* com base no genoma completo

Frankyrley Laison Jesus Baia¹; Rodrigo da Silva Sousa⁴; Fernanda Fátima Caniato²; Adhemar Zerlotini Neto³; Valdir da Costa Mendes¹; Gilvan Ferreira da Silva³

¹Bolsista. Instituto Nacional de Pesquisa da Amazônia. Av. Constelação Cruzeiro do Sul, S/N, Bairro Aleixo, Conjunto Morada do Sol, Prédio nº 139, INPA Campus III, CEP: 69060-062 - Manaus (AM) - Brasil ;²Docente. Universidade Federal do Amazonas. Av. General Rodrigo Octavio Jordão Ramos, 1200 - Coroado I, Manaus - AM, 69067-005;³Docente. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. Rodovia AM 10, Km 29, s/n, Manaus - AM, 69090-000;⁴Bolsista. Instituto de Tecnologia e Educação Galileo da Amazônia. Av. Joaquim Nabuco, 1950 - Centro, Manaus - AM, 69020-03

Resumo

O grupo pestaloides é composto por três gêneros distintos, *Pestalotiopsis*, *Neopestalotiopsis* e *Pseudopestalotiopsis*, ambos com espécies fitopatogênicas e de grande importância agrícola, como por exemplo a espécie *N. clavispora*. Diante disso, o presente estudo tem como objetivo realizar uma análise comparativa com base no genoma completo das espécies *Neopestalotiopsis* sp. (M2102B), *Neopestalotiopsis* sp. (M2101), *Neopestalotiopsis* sp. (M2101E), *N. clavispora* (IHI 201606), *Neopestalotiopsis* sp. (37M) e *N. rosae* frente aos resultados das análises das espécies *Ps. theae*, *P. fici* e *N. formicidarum* de genes que codificam efetores e proteínas degradadoras de carboidratos (Cazymes). O secretoma foi predito a partir do genoma das espécies utilizando a plataforma de bioinformática SignalP 5.0, Phobius e TMHMM 2.0, ScanProsite (Motivo: PS00014 ER_Targeting), e o PredGPI. A predição de candidatos a efetores, foi realizada na plataforma R (Pacote Biostrings), EffectorP 1.0 e ScanProsite motivo: [YFW]-x-C. A anotação funcional foi feita na plataforma dbCAN HMMER e Merops. Na predição do secretoma foram identificadas 462, 422, 1285, 430, 911 e 1133 sequências para *N. rosae*, *Neopestalotiopsis* sp. (M2102B), *Neopestalotiopsis* sp. (M2101), *Neopestalotiopsis* sp. (M2101E), *N. clavispora* e *Neopestalotiopsis* sp. (37M) respectivamente, e em *Ps. theae* (1217), *P. fici* (1368) e *N. formicidarum* (1154). Na predição de efetores foram preditos 294, 262, 738, 263, 540 e 700 efetores para *N. rosae*, *Neopestalotiopsis* sp. (M2102B), *Neopestalotiopsis* sp. (M2101), *Neopestalotiopsis* sp. (M2101E), *N. clavispora* e *Neopestalotiopsis* sp. (37M), respectivamente. Em *Ps. theae*, *P. fici* e *N. formicidarum* foram identificados 698, 826 e 695, respectivamente. Na análise funcional no dbCAN foram identificadas 6 famílias de cazymes, sendo a maioria Glicosídeos Hidrolases (GH), Enzimas para Atividades Auxiliares (AA) e Esterases de Carboidratos (CE). Já no Merops, a maioria foram preditas como peptidases não homologas e peptidases não atribuídas, além de inibidores de peptidase não atribuído, e com homologia, Epóxido hidrolases (EHs), gama glutamil transpeptidase (GGT), Prolil tripeptidil peptidase, Carboxipeptidases, além de outras peptidases. Portanto, conclui-se que os resultados apresentados condizem com o modo de vida das espécies, e quanto aos efetores, todos estão completamente relacionados ao processo de infecção e colonização a partir da degradação do tecido do hospedeiro.

Palavras-Chave: Enzimas; Genes; Proteínas.