



Secretoma do fungo fitopatogênico *Pseudopestalotiopsis* sp. CPAA1.26: uma abordagem genômica

¹ Raquel Araújo de Brito – Bolsista UFAM

² Virginia Maria da Silva Pereira – Universidade Federal do Amazonas

³ Gilvan Ferreira da Silva – Embrapa Amazônia Ocidental

² Fernanda Fatima Caniato – Universidade Federal do Amazonas

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, cinco fungos do grupo dos pestalotiídeos foram isolados de lesões necróticas foliares no guaranazeiro: três do gênero *Neopestalotiopsis* e dois do gênero *Pseudopestalotiopsis*. Entre eles, o *Pseudopestalotiopsis* sp. CPAA1.26 (SISGEN Nº A6F8BEF) que parece ser o mais virulento e por esta razão teve seu genoma sequenciado no âmbito do projeto AMAZONMICRO. O secretoma predito do CPAA1.26 resultou em 1382 proteínas, das quais 501 proteínas foram declaradas candidatos a efetores por possuírem características comuns a efetores: comprimento de sequência (≤ 200 aa) & conteúdo de cisteína $\geq 3\%$ ($n = 93$), presença dos motivos Y/W/FxC ($n = 136$) e RXLR ($n = 1$). Foram incluídos como candidatos a efetores aqueles resultantes da predição pelo EffectorP ($n = 361$) e identidade de sequência com efetores da conhecidos da PHI-base ($n = 45$). Além disso, 407 proteínas preditas do secretoma foram anotadas pela CAZy database que indicou predominância das glicosil hidrolases (GH = 52,09%), seguida por enzimas ativas auxiliares (AA = 28,26%), carboidratos esterases (CE = 12,28%), polissacarídeos liases (PL = 7,13%) e glicosil transferase (GT=0,24%). Entre as Cazymes com função de degradação de parede celular, destacamos as AA7, AA9, GH3, GH6 e GH7 com alvo em celulose. GH10, GH11, GH12, GH43, GH125, GH147, CE1 e CE3 com alvo hemicelulose e GH28, PL1, PL3 e PL4 com alvo pectina. Entre as 139 peptidases preditas, as serino- e metalo-peptidases foram as classes mais frequentes com 45,32 e 24,46%, respectivamente. Entre as 70 lipases preditas 60% foram da classe GGGX, 32,86% foram da classe GX e 7,14% foram da classe Y. A análise *in silico* do genoma do CPAA1.26 identificou candidatos a efetores e outros fatores de virulência que direcionarão a continuidade do estudo acerca dos seus envolvimento na patogênese do fungo.

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

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem ao Conselho Nacional de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior CAPES-Procad AmazonMicro e a Universidade Federal do Amazonas pela concessão de bolsa PIBIC para a primeira autora.