



XL CONGRESSO PAULISTA DE FITOPATOLOGIA

Instituto Agronômico - Campinas, SP

7 a 9 de Fevereiro de 2017

ANÁLISE *IN SILICO* DE GENES CANDIDATOS A EFETORES DE *Puccinia psidii*. / *In silico* analysis of effectors candidate genes of *Puccinia psidii*. M.S. LOPES¹; R.D. DALIO²; M.C. QUECINE¹. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (ESALQ), mariana.silva.lopes@usp.br; ²Instituto Agronômico de Campinas (IAC).

A ferrugem do eucalipto causada pelo patógeno *Puccinia psidii* representa uma ameaça à produtividade do setor florestal brasileiro. Trata-se de um fungo biotrófico que infecta folhas jovens de plantas com até dois anos de idade. Pouco é conhecido a respeito de sua biologia e mecanismos de patogenicidade, assim, foi realizada uma análise *in silico* visando à busca de genes candidatos a efetores no *draft* do genoma de *P. psidii*. Primeiramente, analisou-se 46.122 sequências anotadas por meio de GO termos relacionados a efetores, não tendo sido encontrado nenhum candidato. Posteriormente, 123.878 sequências não anotadas ou anotadas como hipotéticas foram avaliadas por meio de uma *pipeline* utilizando-se os programas *SignalP*, *TMHMM* e *GPISom*. Dos 123.878 *contigs* analisados, 8530 apresentaram o peptídeo sinal, dos quais 5221 não apresentam domínio transmembrana e destes, 4381 não apresentam superfície de ancoragem. Finalmente, foram selecionados os *contigs* que codificam proteínas com tamanho entre 45 e 440 aminoácidos, obtendo-se o valor final de 2966 candidatos a efetores no genoma de *P. psidii*. Esse valor é superior ao encontrado em outros patógenos causadores de ferrugem, sugerindo uma expansão da família de efetores em *P. psidii*, provavelmente resultado da vasta gama de hospedeiros.