



**10º Congresso Interinstitucional de Iniciação Científica – CIIC 2016**  
**02 a 04 de agosto de 2016 – Campinas, São Paulo**  
**ISBN 978-85-7029-135-6**

## **ANÁLISE DE BIOINFORMÁTICA DE GENES DIFERENCIALMENTES EXPRESSOS POR *PHYTOPHTORA PARASITICA***

Luiz Guilherme Salvino **da Silva**<sup>1</sup>; Marco Aurélio **Takita**<sup>2</sup>; Ronaldo José Durigan **Dalio**<sup>3</sup>; Marcos Antonio **Machado**<sup>4</sup>

**Nº 16128**

**RESUMO** – Fatores como pragas e doenças afetam grandemente a citricultura. Dentre as doenças, as causadas pelo oomiceto *Phytophthora* têm um papel muito importante. Para se entender a patogenicidade de *Phytophthora parasitica*, foi feito um experimento no qual verificou-se a expressão gênica do oomiceto em interações com extratos de tangerina *Sunki* (*Citrus, sunki*) (altamente suscetível) e *Poncirus trifoliata* (resistente), identificando-se expressão diferencial de genes, possivelmente relacionados com patogenicidade. A análise bioinformática dos transcritos diferencialmente expressos em momentos diferentes de exposição ao tecido vegetal nos levará à um conhecimento maior do processo infeccioso desse micro-organismo, podendo futuramente, servir como material para o entendimento das vias metabólicas as quais o tornam patogênico para a planta susceptível. Foram avaliadas no total 6 diferentes respostas de *Phytophthora parasitica*, três delas frente a extrato de *Citrus sunki* e outras três a de *Poncirus trifoliata*, representando os diferentes tempos de análise: 3, 6 e 12 horas de incubação. Cada uma das três condições apresentava dados de genes induzidos e reprimidos, dobrando o número de análises, totalizando seis para cada extrato vegetal. Vários genes foram diferencialmente expressos em cada uma das condições. Estes genes foram identificados utilizando-se a ferramenta Blast. Com um todo, a maioria dos genes diferencialmente expressos codificam proteínas hipotéticas mas dados individualizados para cada condição serão mostrados.

**Palavras-chaves:** Gomose, bioinformática, expressão gênica.

1 Autor, Bolsista CNPq (PIBIC): Graduação em Bacharelado em Biotecnologia, UFSCar, Araras-SP; luizsalvino@yahoo.com.br

2 Colaborador, Pesquisador – IAC, Cordeiropolis-SP

3 Colaborador, Pós-doutorando – IAC, Cordeiropolis-SP

4. Orientador: Pesquisador, Centro de Citricultura- IAC, Cordeiropolis- SP, marcos@centrodecitricultura.br.



**10º Congresso Interinstitucional de Iniciação Científica – CIIC 2016**  
**02 a 04 de agosto de 2016 – Campinas, São Paulo**  
**ISBN 978-85-7029-135-6**

**ABSTRACT** – *Factors like pests and diseases greatly affect citriculture. Among the diseases, the ones caused by the oomycete Phytophthora have a very important role. For understanding the pathogenicity of Phytophthora parasitica, an experimente was done, in which it was verified the gene expression of the oomycete in interactions with extracts of Sunki mandarin (Citrus,sunki) (highly susceptible) and Poncirus trifoliata (resistant), identifying differential expression of genes, possibly related to pathogenicity. The bioinformatics analysis of the differentially expressed transcripts in different moments of exposition to the plant extract will help knowing more about the infective process of the microorganism, which could be in the future a material for understanding the metabolic pathways that make it pathogenic to the susceptible plant. A total of 6 different responses of Phytophthora parasitica were evaluated, three of them with extract of Citrus sunki and other three with Poncirus trifoliata, representing the different nalysis time points: 3, 6 and 12 incubation hours. Each one of the three conditions had data of induced and repressed genes, doubling the number of analysis, totaling six for each plant extract. Several genes were diferentially expressed in each condition. These genes were identificados using the Blast tool. As a whole, the majority of the differentially expressed genes encode hypothetical proteins but individual data for each condition will be shown.*

**Keywords:** Gummosis, bioinformatics, gene expression