

NUANCES DA ANÁLISE DO GENOMA COMPLETO DE BACTÉRIAS FITOPATOGÊNICAS

(Nuances of the complete genome analysis of phytopathogenic bacteria)

. VALMIR DUARTE

Agrônoma - Laboratório de Diagnóstico Fitossanitário e Consultoria, Porto Alegre, RS, Brasil. E-mail: valmir@agronicabr.com.br

As plataformas de sequenciamento de *próxima* geração (NGS) diminuíram significativamente o tempo necessário para a obtenção do genoma completo de bactérias fitopatogênicas e seu custo. Uma bacteriose, registrada nas lavouras de trigo do RS desde 2008, tem ocorrido esporadicamente, mas com severidade crescente. Um isolado de folhas de trigo sintomáticas, patogênico, fluorescente, mostrou ser *Pseudomonas* sp., mas não *P. syringae*, e o seu genoma (6,5 Mpb) foi sequenciado usando o sequenciador IonTorrent™ PersonalGenomeMachine™ (PGM). A predição dos genes/proteínas codificantes e anotação funcional, na procura de fatores de virulência, e a comparação com outros genomas, mostrou apenas 52% de similaridade com *P. syringae*, mas 98% com *P. extremorientalis*, bactéria saprofítica, fluorescente, encontrada em reservatório de água de consumo na Rússia. Outra bactéria foi isolada de cancos em fruteira em SC e o genoma também sequenciado. Neste caso, o temor de *Erwinia amylovora* não foi confirmado, mas o resultado mostrou identidade proteômica superior a 99,8% a uma bactéria pectolítica* registrada numa fruteira de outra espécie e de outro país, com 87% de hibridização DNADNA digital (dDDH). Em ambos os casos, as nuances da análise do genoma fazem toda a diferença e dependem do esforço conjunto de profissionais de mais de uma área. No primeiro caso, qual a chance de *P. extremorientalis* ser mesmo o patógeno da doença em trigo? Apesar do seu registro em reservatório de água, também existe o registro de sua presença na rizosfera do trigo estimulando o seu crescimento. No segundo caso, o que garante que a bactéria pectolítica causando cancro em outra espécie de frutífera seja a mesma encontrada em SC? As nuances, pequenas variações, não poderiam responder por comportamentos muito diferentes (saprofítica ou fitopatogênica)? Tudo indica que sim. Visando taxonomia, a similaridade de 98% ou 99,8% autorizaria a classificação deste organismo como da mesma espécie. Entretanto, como a função de genes e as interações entre as proteínas ainda não são perfeitamente conhecidas, os resultados genômicos não substituem completamente a análise fenotípica (ex. interação da bactéria com o hospedeiro). Os dois métodos, genômico e fenotípico, revelam verdades distintas. Se o que se busca é uma classificação taxonômica, a análise genômica é insuperável. O problema é que estas nuances redundam em uma bactéria ser ou não fitopatogênica, ou seja, os detalhes fazem toda a diferença.

*Divulgação aguarda autorização do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento.

Palavras-chave: *Pseudomonas extremorientalis*, Next-generationsequencing, *Erwinia amylovora*, genoma