



## XXXVI CONGRESSO PAULISTA DE FITOPATOLOGIA

Instituto Biológico - São Paulo, SP - 19 a 21 de Fevereiro de 2013

**COMPARAÇÃO *IN SILICO* DE PROTEÍNAS DE ESPÉCIES DE *Pseudomonas syringae* / *In silico* comparison of proteins of *Pseudomonas syringae* species.** R.O. ALMEIDA<sup>1</sup>; E.R. LORENZETTI<sup>2</sup>; J.C. BESPALHOK FILHO<sup>3</sup> <sup>1</sup>PGAPV UFPR, <sup>2</sup>IFET-MG, <sup>3</sup>PGAPV UFPR E-mail: rodrigo.oliveira@ufpr.br.

A incidência da bactéria *Pseudomonas syringae* nas culturas provoca perdas significativas na produtividade e qualidade. Atualmente, há uma enorme quantidade de informações dessa bactéria depositada em bancos de dados públicos, como National Center for Biotechnology Information (NCBI). O objetivo do trabalho foi analisar, *in silico*, as sequências proteicas de *Pseudomonas syringae* quanto à similaridade. Sequências proteicas das espécies *Pseudomonas syringae* (patovares *syringae*, *tomato*, *oryzae*, *aesculi*, *avellanae* e *glycinea*) oriundas do GenBank foram utilizadas neste trabalho, totalizando 128.040 sequências. Sob a plataforma Linux, foi utilizado o algoritmo blast all against all para a busca de sequências similares, assim como *scripts* para a solução de problemas biológicos computacionais desenvolvidos em linguagem de programação Perl, selecionando somente as sequências com 80% de similaridade e e-value máximo de  $1e^{-40}$ . Maiores similaridades foram encontradas para as proteínas DNA girase, RNA polimerase e transposase, com 152, 114 e 101 sequências, respectivamente. Os resultados demonstram que as proteínas envolvidas em atividades associadas ao DNA são altamente conservadas.

Agradecimentos: À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES)