

Fatores moleculares no metabolismo fundamental de *Phytophthora cinnamomi*

Molecular factors in the fundamental metabolism of *Phytophthora cinnamomi*

Daniel Ribeiro, Iuliia Branco & Altino Branco Choupina*

Centro de Investigação de Montanha (CIMO), Instituto Politécnico de Bragança, Campus de Santa Apolónia, 5300-253, Bragança, Portugal
(*E-mail: albracho@ipb.pt)

<https://doi.org/10.19084/rca.24616>
Recebido/received: 2021.05.20
Aceite/accepted: 2021.07.12

RESUMO

Phytophthora cinnamomi é um Oomiceta diploide que vive no solo e é o causador da morte de inúmeras plantas em todo o mundo. Em Portugal a produção de castanheiro europeu encontra-se sobretudo na região norte onde mais de 80% está concentrada principalmente na região de Trás-os-Montes, tornando-se uma fonte económica muito valiosa para a região. A doença da tinta do castanheiro europeu é uma patologia causada principalmente por *P. cinnamomi* e representa uma ameaça para a preservação do castanheiro europeu (*Castanea sativa* Miller). O principal objetivo deste trabalho é a identificação de genes que expressam proteínas relacionadas com o metabolismo fundamental de *P. cinnamomi*, através da utilização de ferramentas bioinformáticas. O genoma deste microrganismo encontra-se depositado na base de dados biológicos NCBI (National Center for Biotechnology Information) e através das sequências desse genoma foram identificadas as ORFs (open reading frames - fases de leitura aberta) que codifiquem para proteínas associadas ao metabolismo fundamental. Com ferramentas bioinformáticas conseguimos ainda prever a localização subcelular, a estrutura tridimensional, as características físico-químicas e a caracterização dos domínios dessas proteínas.

Palavras-chave: *Phytophthora cinnamomi*, Bases de dados, Metabolismo fundamental, Bioinformática.

ABSTRACT

Phytophthora cinnamomi is a diploid Oomycete that lives in the soil and is the cause of the death of countless plants worldwide. In Portugal the production of European chestnut is found mainly in the northern region where more than 80% is concentrated mainly in the region of Trás-os-Montes, making it a very valuable economic source for the region. European chestnut ink disease is a pathology caused mainly by *P. cinnamomi* and poses a threat to the preservation of chestnut (*Castanea sativa* Miller). The main objective of this work is the identification of genes that express proteins related to the fundamental metabolism of *P. cinnamomi*, using bioinformatics tools. The genome of this microorganism is deposited in the biological database NCBI (National Center for Biotechnology Information) and through the sequences of this genome, ORFs (open reading frames) that code for proteins associated with fundamental metabolism were identified. With bioinformatics tools we can also predict the subcellular location, the three-dimensional structure, the physical-chemical characteristics and the characterization of the domains of these proteins.

Key words: *Phytophthora cinnamomi*, Data Bases, Fundamental metabolism, Bioinformatics.

INTRODUÇÃO

Phytophthora cinnamomi é um organismo da classe Oomiceta que está associado a grandes perdas econômicas devido ao seu caráter fitopatogênico. É um dos parasitas de plantas mais devastadores conhecidos. Possui uma ampla distribuição a nível global e uma grande variedade de hospedeiros (Burgess et al., 2017). Além de causar perdas econômicas substanciais na agricultura, silvicultura e horticultura, *P. cinnamomi* causa um enorme impacto nos ecossistemas naturais e na biodiversidade. Muitos estudos têm sido feitos ao nível do impacto que este organismo invasor tem na agricultura e nos ecossistemas através do reconhecimento de elementos genéticos associados à infecção causada por *P. cinnamomi* (Zentmyer, 1980; Hardham, 2005). Neste trabalho o objetivo principal é a análise e caracterização de sequências depositadas em bancos de dados que codifiquem proteínas do metabolismo fundamental de *P. cinnamomi*. Os objetivos específicos desta pesquisa focam-se na utilização de ferramentas bioinformáticas a fim de obter informações relevantes sobre a localização subcelular, características físico-químicas e da estrutura 3D de proteínas expressas por genes de *P. cinnamomi*. É de fundamental importância a interpretação de informação biológica para a classificação e associação de características distintivas em todos os domínios da vida. Entende-se como metabolismo fundamental um variadíssimo conjunto de reações que de alguma forma são comuns a todas as formas de vida. Estas reações responsáveis pelos processos de síntese e degradação dos nutrientes na célula, permitindo o crescimento e reprodução das células, permitem-nos compreender quais são respostas deste organismo às mudanças de ambiente para que possam ser desenvolvidas abordagens mais precisas no controle epidemia tão devastadora provocada pelo Oomiceta *P. cinnamomi* (Reeves, 1974; Ebenhöf, 2001; de Andrade Lourenço et al., 2020). A maioria das estruturas que compõem os seres vivos é fabricada a partir de três classes básicas de moléculas: aminoácidos, glícidos e lípidos. O metabolismo concentra-se na síntese destas moléculas ou na sua degradação para uso como fonte de energia e formação das estruturas celulares. Muitos compostos bioquímicos podem ser ligados entre si formando polímeros, como o DNA e proteínas (Devine et al.,

1948). Estas macromoléculas são parte essencial de todos os organismos vivos. Para a correta caracterização da função de um determinado gene são usadas ferramentas bioinformáticas de análise de sequências genômicas de modo a inferir a sua função relacionando o grau de homologia entre sequências, os seus domínios e famílias com o produto proteico originado. Embora se conheça muito sobre o processo de infecção e o desenvolvimento da doença da tinta provocada por *P. cinnamomi* o conhecimento sobre os fatores (genes e proteínas) do metabolismo fundamental deste Oomiceta são pouco conhecidos, apesar de fundamentais para compreender o seu desenvolvimento e adaptação às alterações climáticas a fim de melhor estabelecer estratégias de controlo e combate.

MATERIAL E MÉTODOS

Bases de dados

A pesquisa de genes foi realizada através da base de dados NCBI (National Center for Biotechnology Information: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) onde foram usadas as sequências genômicas depositadas no primeiro contig LGSK01000001.1 pertencente a estirpe MP94-48 de *P. cinnamomi*.

Pesquisa de ORF's

A ferramenta ORFfinder (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/orffinder/>), permitiu encontrar ORFs (as fases de leitura aberta ou parte codificante dos genes) no genoma de *P. cinnamomi*, utilizando como parâmetros de busca: sequências até 300 nucleóticos, código genético standard e ORF usando codão de iniciação "ATG". Sequências consideradas homólogas são aquelas que apresentam uma percentagem de homologia superior a 80% de modo a ser possível afirmar que estão relacionadas ancestralmente. A ferramenta SmartBlast (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/smartblast/>) utiliza um algoritmo heurístico de modo a produzir esses resultados usando uma combinação de uma pesquisa BLASTP otimizada, uma nova implementação do BLAST destinada a encontrar correspondências estreitamente relacionadas e um alinhamento múltiplo.

Localização subcelular das proteínas caracterizadas

A busca por um peptídeo sinal foi realizada com a ferramenta SignalP 5.0, que está disponível em <http://www.cbs.dtu.dk/services/SignalP/index.php>. Sinal peptídico (PS) são pequenas sequências de aminoácidos, que são clivadas durante a translocação da proteína através da membrana, permitindo prever a sua localização na célula (Emanuelsson *et al.*, 2007). A possível localização subcelular foi confirmada pelas ferramentas Cello v.2.5, LOCTree3 e EukmPLoc, disponíveis em <http://cello.life.nctu.edu.tw/>, <https://roslab.org/services/loctree3/>, <http://www.csbio.sjtu.edu.cn/bioinf/euk-multi-2/> respectivamente (Yu *et al.*, 2006; Chou e Shen, 2010; Goldberg *et al.*, 2012).

Caracterização físico-química das proteínas

A caracterização físico-química foi obtida a partir da plataforma Expasy - ProtParam Server disponível em <https://web.expasy.org/protparam/>, e através desta análise foi possível obter informações importantes sobre a estrutura e propriedades das proteínas.

Os parâmetros calculados pelo ProtParam incluem peso molecular, ponto isoelétrico, composição de aminoácidos, índice de instabilidade, índice alifático e média de hidropaticidade (GRAVY). O índice de instabilidade fornece uma estimativa da estabilidade da proteína em um tubo de ensaio. É possível calcular um índice de instabilidade (II) que é definido como:

$$i = L-1$$

$$II = (10 / L) * \sum DIWV (x [i] x [i + 1])$$

$$i = 1$$

onde: L é o comprimento da sequência, $DIWV (x [i] x [i + 1])$ é o valor do peso da instabilidade para o dipéptido que começa na posição i . Uma proteína cujo índice de instabilidade é menor que 40 é predita como estável, um valor acima de 40 prediz que a proteína pode ser instável. O índice alifático de uma proteína é definido como o volume relativo ocupado pelas cadeias laterais alifáticas (alanina, valina, isoleucina e leucina). Pode ser considerado

como um fator positivo para o aumento da termo estabilidade de proteínas globulares. O índice alifático de uma proteína é calculado de acordo com a seguinte fórmula:

$$\text{Índice alifático} = X (\text{Ala}) + a * X (\text{Val}) + b * (X (\text{Ile}) + X (\text{Leu}))$$

Onde: $X (\text{Ala})$, $X (\text{Val})$, $X (\text{Ile})$ e $X (\text{Leu})$ é a percentagem molar (100 x mol) de alanina, valina, isoleucina e leucina. Os coeficientes a e b são o volume relativo da cadeia lateral da valina ($a = 2,9$) e das cadeias laterais Leu / Ile ($b = 3,9$) para a cadeia lateral da alanina (Ikai, 1980). O valor de GRAVY para um peptídeo ou proteína é calculado como a soma dos valores de hidropatia de todos os aminoácidos, divididos pelo número de resíduos na sequência e indica a solubilidade, com valores positivos (negativos) para proteínas hidrofóbicas (hidrofílicas) (Kyte e Doolittle, 1982).

A identificação de domínios foi realizada com a ferramenta Prosite disponível em <https://prosite.expasy.org/>, e a ferramenta Pfam – EMBL disponível em <http://pfam.xfam.org/>.

Estrutura 3D das proteínas

A estrutura 3D das proteínas foi obtida através do servidor Phyre2 disponível em <http://www.sbg.bio.ic.ac.uk/phyre2/html/page.cgi?id=index>, e para a visualização das estruturas foi usado o programa PyMOL em <http://www.pymol.org>.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise da sequência genômica de *P. cinnamomi* depositada no banco de dados NCBI foi em primeira instância realizada com apoio da ferramenta bioinformática ORFfinder disponível em <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/orffinder/>, de forma a encontrar fases de leitura abertas que codifiquem proteínas relacionadas a fatores do metabolismo fundamental de *P. cinnamomi*. O termo ORF (open Reading frame) refere-se a uma parte de uma sequência nucleotídica que tem a potencialidade de codificar uma proteína, isto é, que contém um codão ou triplete de iniciação e um codão de terminação (Salinas *et al.*, 2016). Após analisar as ORFs com o

SmartBLAST (programa para comparação de consultas de proteínas ou DNA com bancos de dados de proteínas ou DNA em qualquer combinação) foram selecionadas ORFs que codificam proteínas que possivelmente estarão associadas a reações do metabolismo de *P. cinnamomi*. Os dados apresentados no Quadro 1 são relativos aos genes e seus produtos, escolhidos após a identificação das ORFs e posterior comparação com SmartBLAST. A escolha foi baseada na relação entre o produto proteico, a percentagem de homologia entre sequências e a literatura científica disponível. A maioria das ORFs codificam proteínas homólogas a proteínas do metabolismo de diferentes espécies do gênero *Phytophthora* especialmente *P. infestans*, *P. megakarya*, *P. nicotiana* e *P. parasitica*. As proteínas mais frequentes estão relacionadas com o metabolismo fundamental e proteínas que estão relacionadas com a patogenicidade destes organismos, embora exista

um grande número de ORFs que codifiquem para proteínas hipotéticas ou com função desconhecida. Os dados relativos a essa análise são apresentados no Quadro 1.

A previsão da localização subcelular de proteínas fornece informações muito úteis acerca da sua possível função, pois a função de uma proteína está intimamente relacionada com sua localização (Chou *et al.*, 2003). Os resultados do Quadro 2 foram obtidos através das ferramentas de localização celular e não se apresentaram de forma conclusiva sobre a real localização, pois foram bastante diferentes entre as três ferramentas. Cada uma destas ferramentas utiliza algoritmos diferentes para a apresentação de resultados, o que sugere a falta de experiências *in vitro* que determinem a sua real localização.

Quadro 1 - Genes associados ao metabolismo fundamental de *Phytophthora cinnamomi*. Indicam-se as referências do gene e da proteína deduzida nas bases de dados bem como a função da proteína e a percentagem de homologia no organismo respectivo

GENE	NCBI	PROTEÍNA	FUNÇÃO	UNIPROT	ORGANISMO	COBERTURA/HOMOLOGIA
GQ600_10541	KAF1794404	Dioxigenase dependente de alfa-cetoglutarato- AlkB	Atividade da ubiquitina	A0A6A5JT99	<i>Phytophthora cactorum</i>	99% / 92.61%
PHMEG_000759	OWZ18325	Helicase dependente de ATP	Atividade de helicase	A0A225X269	<i>Phytophthora megakarya</i>	100% / 98.92%
PHMEG_00024779	OWZ03481	Glicerol quinase	Atividade da quinase	A0A225VD90	<i>Phytophthora megakarya</i>	98% / 78.38%
PHPALM_12227	POM71226	Poly(A) polimerase	Atividade de polinucleotídeo adenililtransferase	A0A2P4Y097	<i>Phytophthora palmivora</i> var. <i>palmivora</i>	100% / 87.15%
PITG_09292	XP_002903577.1	Dicer 1 (DCL1)	Atividade da ribonuclease III	D0NBC4	<i>Phytophthora infestans</i> T30-4	100% / 80.75%
AM587_10017495	KUF80413.1	Pumilio 1	Ligação ao RNA	A0A0W8C8Q2	<i>Phytophthora nicotianae</i>	99% / 86.85%
PPTG_04922	XP_008895514.1	Ribocinase	Atividade da ribocinase	W2R2M1	<i>Phytophthora parasitica</i> (cepa INRA-310)	90% / 87.93%
PITG_01564	XP_002908209.1	Aminoácido acetiltransferase	Atividade da N-acetiltransferase de L-glutamato	D0MTJ5	<i>Phytophthora infestans</i> (strain T30-4)	100% / 88.27%
AM587_10015544	KUG00934.1	Complexo de remodelação de cromatina da cadeia de ATPase	Ligação de DNA, ligação de ATP	A0A0W8DXS5	<i>Phytophthora nicotianae</i>	100% / 91.92%
PITG_10457	XP_002902245.1	RNA polimerase1 dependente de RNA (RDR1)	Ligação ATP, Atividade de polimerase de RNA 5'-3	D0NFC8	<i>Phytophthora infestans</i> (cepa T30-4)	99% / 79.52%
F443_01087	ETI56339.1	Glicina-tRNA ligase	Ligação de ATP, atividade da glicina-tRNA ligase	V9FXY7	<i>Phytophthora parasitica</i> P1569	99% / 96.47%

Quadro 2 - Localização subcelular das proteínas deduzidas, utilizando as ferramentas SignalP, CELLO v.2.5, LOCTree3 e Euk-mPloc

PROTEINA	SIGNALP	CELLO V.2.5/score	(LOCTREE3)	(EUK-MPLOC)
Dioxigenase dependente de alfa-cetogluturato- AlkB	no	Citoplasma 0.468	84% Núcleo	Citoplasma
Helicase dependente de ATP	no	Núcleo 0.620	90% Núcleo	Núcleo
Glicerol quinase	sim	Membrana plasmática 0.489	80% Peroxissoma	Citoplasma
Poly(A) polimerase	no	Cloroplasto 0.710	84% Núcleo	Núcleo
Dicer 1 (DCL1)	no	Citoplasma 0.917	82% Núcleo	Mitocondria, núcleo
Pumilio 1	no	Núcleo 0.914	87% Citoplasma	Citoplasma
Ribocinase	no	Cloroplasto 0.777	84% Mitocondria	Citoplasma
Aminoácido acetiltransferase	no	Membrana plasmática 0.356	80% Cloroplasto	Cloroplasto
Complexo de remodelação de cromatina da cadeia de ATPase	no	Núcleo 0.530	87% Núcleo	Núcleo
RNA polimerase1 dependente de RNA (RDR1)	no	Membrana plasmática 0.544	82% Núcleo	Núcleo
Glicina-tRNA ligase	no	Citoplasma 0.797	86% Citoplasma	Citoplasma

Quadro 3 - Caracterização físico-química (numero de aminoácidos, peso molecular, índices de estabilidade e alifático e hidropaticidade) das proteínas obtida através da ferramenta Expasy - ProtParam Server

PROTEINA	Nº AA	PESO MOLECULAR	PI	ÍNDICE DE INSTABILIDADE	ÍNDICE ALIFÁTICO	MÉDIA GERAL DE HIDROPATICIDADE (GRAVY)
Dioxigenase dependente de alfa-cetogluturato- AlkB	918	104925.48	6.19	45.88 (instável)	81.35	-0.354
Helicase dependente de ATP	1168	132488.90	8.65	50.49 (instável)	77.65	-0.592
Glicerol quinase	550	60170.84	7.70	39.51 (estável)	94.18	0.013
Poly(A) polimerase	692	76653.46	7.90	55.96 (instável)	78.64	-0.379
Dicer 1 (DCL1)	1664	186186.12	5.44	42.86 (instável)	86.17	-0.334
Pumilio 1	875	97313.93	6.23	56.22 (instável)	65.11	-0.605
Ribocinase	332	34602.58	4.84	28.16 (estável)	97.83	0.214
Aminoácido acetiltransferase	567	61997.17	7.62	39.93 (estável)	93.17	-0.053
Complexo de remodelação de cromatina da cadeia de ATPase	1362	158231.05	8.68	45.04 (instável)	75.93	-0.819
RNA polimerase1 dependente de RNA (RDR1)	2680	302536.42	5.83	45.29 (instável)	86.28	-0.261
Glicina-tRNA ligase	681	76001.24	5.88	38.73 (estável)	84.36	-0.270

Os dados do Quadro 3 referem-se às características físico-químicas das proteínas selecionadas. Estes dados são importantes para um melhor entendimento das funções bioquímicas das proteínas e foram obtidos usando a ferramenta ProtParam que calcula várias propriedades físico-químicas que podem ser deduzidas a partir de uma sequência de proteínas. Nenhuma informação adicional é necessária sobre a proteína em consideração, a proteína pode ser especificada como um número de acesso ou ID SwissProt/TrEMBL, ou na forma de uma sequência bruta em formato FASTA.

A identificação dos domínios e sítios ativos foi feita através da ferramenta PROSITE e os resultados são apresentados no Quadro 4. Através da análise dos resultados desta tabela foi possível deduzir a possível função das proteínas selecionadas com recurso à literatura científica disponibilizada nas bases de dados de proteínas Uniprot e Pfam-EMBL. A modelagem 3D das proteínas foi realizada

através servidor Phyre2 e os resultados estão apresentados nas Figuras 1 e 2.

Dedução da função proteica através da interação dos domínios

A proteína dioxigenase dependente de alfa-cetoglutarato Tipo AlkB pertence à família das dioxigenases dependentes de Fe (II) / α KG com domínio HECT. Em particular, todas as dioxigenases da família AlkB usam um mecanismo de inversão de base para inverter a sua base alvo da hélice de DNA de fita dupla no seu sítio ativo e o núcleo do seu domínio catalítico contém uma dobra de β -hélice de fita dupla que é conservada entre dioxigenases dependentes de Fe (II) / α KG (Shen *et al.*, 2014). O domínio HECT (homology para E 6-AP carboxyl terminus) é responsável pelo processo de ubiquitinação ao aceitar ubiquitina de uma enzima conjugadora de ubiquitina E2 na forma de um tioéster

Quadro 4 - Predição estrutural de proteínas usando Phyre2 e caracterização dos seus domínios e sítios activos usando o programa PROSITE

PROTEINA	PHYRE2		PROSITE		EMBL
	Confiança	/Cobertura	Domínio	Sítios activos	Domínio
Dioxigenase dependente de alfa-cetoglutarato- AlkB	100%	50%	HECT, FE2OG_OXY	Glicil tioester intermediário	HECT, FE2OG_OXY
Helicase dependente de ATP	100%	56%	S1, HELICASE_ATP_BIND_1, HELICASE_CTER	—	S1, HELICASE_ATP_BIND_1, HELICASE_CTER
Glicerol quinase	100%	88%	—	—	Família FGGY de carboidratos quinases, domínio N-terminal, Família FGGY de carboidratos quinases, domínio C-terminal Domínio central da polimerase poli (A)
Poly(A) polimerase	100%	72%	—	—	Domínio de ligação ao RNA previsto em poli (A) polimerase
Dicer 1 (DCL1)	100%	73%	DICER_DSRBF, RNASE_3_2,	—	—
Pumilio 1	100%	37%	PUM_HD	—	—
Ribocinase	100%	92%	—	—	—
Aminoácido acetiltransferase	100%	74%	GNAT	—	—
Complexo de remodelação de cromatina da cadeia de ATPase	100%	45%	HMG_BOX_2, HELICASE_ATP_BIND_1, HELICASE_CTER, SANT	—	N-terminal da família SNF2 Caixa de HMG; Caixa HMG (grupo de alta mobilidade)
RNA polimerase1 dependente de RNA (RDR1)	100%	28%	HELICASE_CTER,	—	—
Glicina-tRNA ligase	100%	87%	WHEP-TRS, AA_TRNA_LIGASE_II	—	—

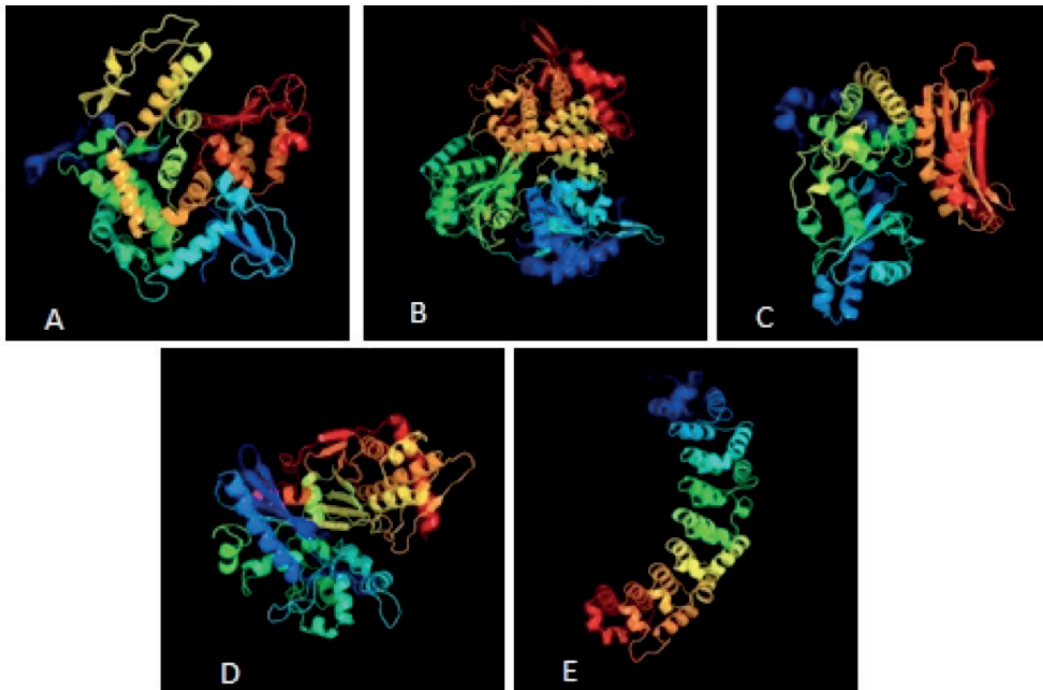


Figura 1 - Representação da estrutura 3D das proteínas: A - Dioxigenase dependente de alfa-cetoglutarato- AlkB, B - Helicase dependente de ATP, C - Glicerol quinase, D - Poly(A) polimerase, E - Pumilio 1.

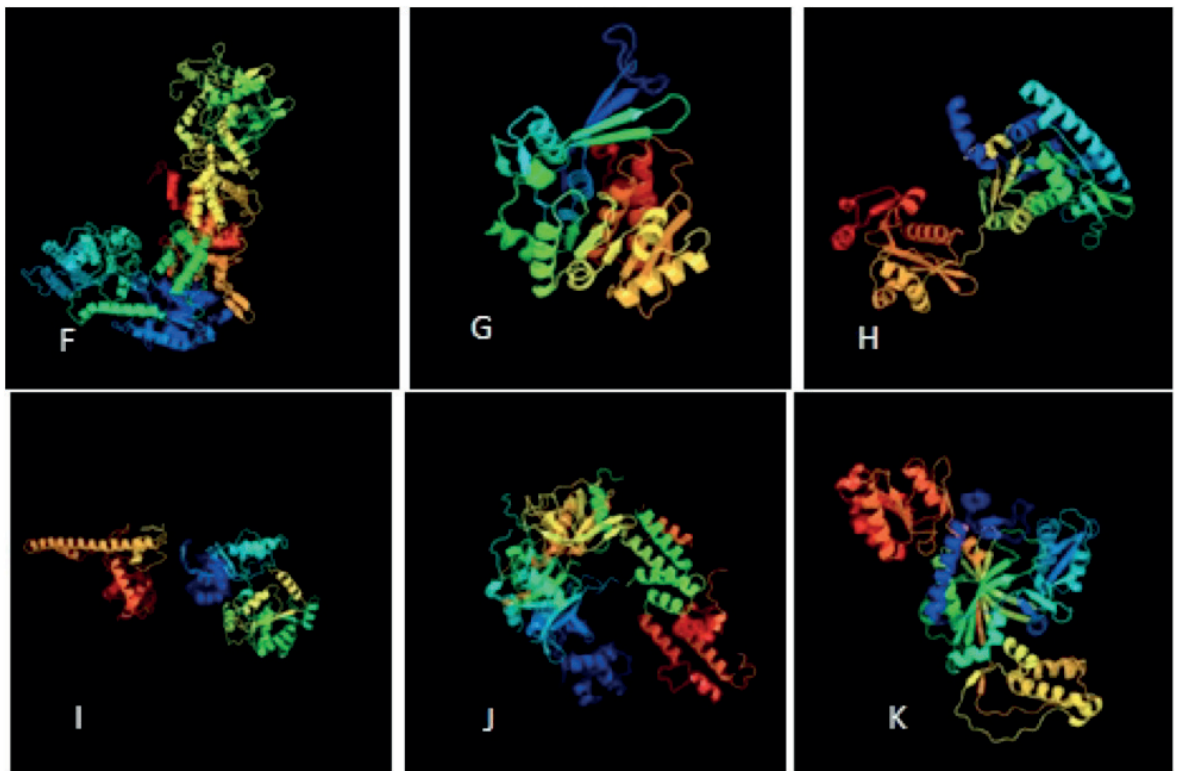


Figure 2 - Representação da estrutura 3D das proteínas: F - Dicer 1 (DCL1), G – Ribocinase, H - Aminoácido acetiltransferase, I - Complexo de remodelação de cromatina da cadeia de ATPase, J - RNA polimerase1 dependente de RNA (RDR1), K - Glicina-tRNA ligase.

que é depois transferida para as proteínas alvo que são então degradadas no proteossoma 26S (Hatakeyama *et al.*, 1997). Essas enzimas usam Fe (II) e 2-oxoglutarato como cofator para oxidar substratos orgânicos (Yu *et al.*, 2006). Na reação AlkB, que requer ferro ferroso como cofator, o grupo metil é primeiro hidroxilado e depois espontaneamente libertado como formaldeído, regenerando a base normal. O oxigênio molecular é usado como o agente de oxidação, enquanto o co-substrato requerido 2-oxoglutarato (α -cetoglutarato) é convertido em succinato e CO₂ (Ougland *et al.*, 2004). Esta proteína está envolvida na reparação do DNA e RNA através de mecanismos bioquímicos e moleculares e desta forma evita mutações ou modificações pós-transcricionais e pós-traducionais atuando como um regulador proteico através da sinalização de proteínas indesejadas.

As helicases dependentes de ATP são enzimas que estão envolvidas em todos os processos do metabolismo do DNA e RNA. Estas proteínas estão divididas em 5 superfamílias (SF1-SF5) e todas elas se ligam ao ATP de forma a catalisar a remodelação de ácidos nucleicos. A helicase dependente de ATP descrita neste trabalho faz parte da família DEAD-box (superfamília SF2) com domínio S1 e C-terminal (Fairman-Williams *et al.*, 2010). O domínio S1 caracteriza-se por se ligar ao RNA de forma a dar início à tradução e é encontrado numa grande diversidade de organismos (Bycroft *et al.*, 1997), é essencial na tradução de proteínas, pois interage com o ribossoma e o mRNA e liga-se ao RNA de uma forma específica na sequência. Tendo em consideração a mecânica da atividade da helicase da família DEAD-BOX, bem como da atividade bioquímica do domínio S1 e do domínio C-terminal (com função de determinar a especificidade á cadeia de RNA) poderá indicar que esta proteína participa no processo de desnaturação da cadeia de ácidos ribonucleicos de uma forma dependente de energia tendo em consideração que a família DEAD-box apenas abrange helicases de RNA. A atividade bioquímica de definição central das proteínas da caixa DEAD traduz-se na capacidade de se ligar e hidrolisar o ATP em um ciclo estimulado pela ligação ao RNA de fita simples ou dupla (Jarmoskai e Russell, 2012).

Glicerol quinase pertence à família FGGY com domínios N e C-terminais. Proteínas desta

família são denominadas enzimas que catalisam a fosforilação de glicerol através da ligação do substrato de açúcar ao centro catalítico formando interações com o domínio N-terminal, o ATP liga-se junto à abertura entrando em contacto com os dois domínios alterando a conformação da estrutura proteica impedindo que o solvente entre no centro catalítico (Zhang *et al.*, 2011). Poly(A) polimerase é a enzima responsável por adicionar uma cauda de poliadenina na extremidade 3' de um transcrito de pré-mRNA. A sua adição é importante para a exportação nuclear, tradução e estabilidade do mRNA, evitando a sua degradação por ribonucleases. Esta proteína é composta por um domínio catalítico próximo ao terminal N e um domínio e uma região de ligação a RNA que se sobrepõe a um sinal de localização nuclear próximo ao terminal C (Martin *et al.*, 2000). A proteína Dicer-1 faz parte da família das RNAases, contém um domínio de ligação ao RNA e caracterizam-se por atuar no processo de silenciamento de genes. A endoribonuclease Dicer-1 divide o RNA de fita dupla e o pré-microRNA em fragmentos curtos de RNA de fita dupla chamados RNA interferente curto e microRNA, respetivamente (Jaskiewicz e Filipowicz, 2008). É possível afirmar que esta proteína é muito importante no início do processo de silenciamento de genes por interferência de RNA.

A proteína de ligação ao RNA (Pumilio 1) descrita neste trabalho é membro da família PUF. As proteínas desta família são reguladores do desenvolvimento que controlam a estabilidade e a tradução do mRNA por sequências de ligação nas regiões 3' não traduzidas de seus mRNAs alvo (Wang *et al.*, 2002). São caracterizados pela presença de oito cópias em tandem de um motivo de sequência de 36 aminoácidos imperfeitamente repetido, a repetição Pumilio, cercado por uma região conservada N e C-terminal curta. As oito repetições e as regiões N e C-terminais formam o domínio de homologia de Pumilio (PUM-HD). O domínio PUM-HD é um domínio de ligação a RNA específico da sequência (Wang *et al.*, 2001). O RNA liga-se à superfície côncava da molécula, onde cada uma das oito repetições da proteína faz contacto com uma base de RNA diferente através de três cadeias laterais de aminoácidos em posições conservadas (Wang *et al.*, 2002).

A proteína Ribocinase descrita pertence à família pfkB e caracteriza-se por catalisar a fosforilação da D-ribose no O-5 formando D-ribose-5-fosfato numa reação que requer ATP e magnésio. O D-ribose-5-fosfato resultante pode então ser usado para a síntese de histidina e triptofano, ou como um componente da via da pentose fosfato. É o precursor essencial para a formação de nucleóticos (Sigrell *et al.*, 1997). As N-acetiltransferases são enzimas que usam acetil coenzima A (CoA) para transferir um grupo acetil para um substrato, uma reação implicada em várias funções da resistência a antibióticos bacterianos e remodelação de cromatina. As N-acetiltransferases relacionadas a Gcn5 (GNAT) catalisam a transferência do acetil do doador CoA para uma amina primária do aceitador. As proteínas GNAT compartilham um domínio composto por quatro motivos de sequência conservados (Abboud *et al.*, 2020). Apesar da diversidade de especificidades do substrato, os membros da superfamília GNAT demonstram notável similaridade na topologia de proteínas e no modo de ligação da acetil coenzima A, provavelmente refletindo um mecanismo catalítico conservado (Dyda *et al.*, 2000). A proteína Aminoácido acetiltransferase é da família Gcn5 com domínio GNAT e participa de processos do metabolismo de aminoácidos em *P. cinnamomi*.

A proteína ATPase do complexo remodelador de cromatina tem domínio Nterminal da família SNF2. O SNF2 funciona como o componente ATPase do complexo SNF2 / SWI, que utiliza energia derivada da hidrólise de ATP para interromper as interações histona-DNA, resultando no aumento da acessibilidade do DNA a fatores de transcrição como derivados de GAL4 ou a proteína de ligação a TATA-box (TBP), ao DNA associado a histona, embora a natureza exata dessa alteração estrutural não seja conhecida (Pazin e Kadonaga, 1997; Grüne *et al.*, 2003). Devido à sua semelhança com o domínio de ligação ao c-Myb, foi sugerido que os domínios SANT são módulos de ligação ao DNA. O domínio SANT é um motivo de 50 aminoácidos presentes nas proteínas envolvidas na remodelação da cromatina e na regulação da transcrição. A maioria dos domínios SANT possui aminoácidos ácidos no início da hélice 2 e na hélice 3, enquanto os domínios de ligação ao DNA do tipo Myb têm resíduos carregados mais positivamente, em particular em sua terceira hélice de reconhecimento (Grüne *et al.*, 2003). As proteínas com domínio HMG-box_2 parecem atuar principalmente

como facilitadores arquitetônicos na montagem de complexos de núcleo-proteínas como por exemplo, na recombinação de ácidos nucleicos e no início da transcrição. As proteínas da HMG-box_2 podem ser direcionadas para locais específicos de DNA na cromatina por interações proteína-proteína ou pelo reconhecimento de estruturas específicas de DNA (Thomas e Travers, 2001). O domínio HELICASE_CTER está envolvido em processos de translocação de DNA. É necessário para acoplar a energia da hidrólise de ATP à atividade de remodelação do complexo SWI / SNF (Liu *et al.*, 2010). As proteínas de remodelação da cromatina dependentes de ATP usam a energia liberada pela hidrólise de ATP para reposicionar nucleossomas em processos dependentes de DNA (Bansal *et al.*, 2018). Esta ATPase, pode estar envolvida no complexo remodelador de cromatina sendo por isso um mecanismo associado ao metabolismo fundamental de *P. cinnamomi*.

O domínio catalítico central da enzima RDRP (RNA dependente de RNAPolimerase) é estruturalmente semelhante à subunidade beta das RNA polimerases dependentes de DNA (DDRP), no entanto os outros domínios do DDRP não mostram similaridade com os do RDRP. Por outro lado, esta enzima atua na amplificação de RNA de interferência em eucariontes, atuando de forma semelhante à RNA polimerase DNA dependente. Em adição pode-se afirmar que a RNA polimerase dependente de RNA, que atua na síntese de DNA a partir de um molde de RNA ao catalisarem a formação de ligações fosfodiéster entre ribonucleotídeos de uma maneira dependente do modelo de RNA (Ng *et al.*, 2008). A proteína glicine-tRNA ligase pertence a família Aminoacil-tRNA sintetases classe-II e é caracterizada por ser um grupo de enzimas que ativam aminoácidos e os transferem para moléculas específicas de tRNA como primeiro passo na biossíntese de proteínas. A presença de um domínio WHEP-TRS e um domínio de ligação ao anticódon exibem interações de alta afinidade com o tRNA aumentando assim a eficiência catalítica (Ray *et al.*, 2011). A ligação de um aminoácido ao seu respectivo tRNA é levada a cabo por duas reações catalisadas por uma enzima apenas, uma aminoacil-tRNA-sintetase (também denominada de enzima de ativação), específica para cada aminoácido. A ativação do L-aminoácido pelo ATP com a formação de um aminoacil-AMP e

formação de uma ligação éster do aminoácido com o tRNA, com formação do aminoacil-tRNA. Em reações catalisadas pelas aminoacil-tRNA sintetases classe II, o grupo aminoacil é acoplado ao 3'-hidroxil do tRNA (Wolf *et al.*, 1999).

Todas estas enzimas que deduzimos a partir das sequências genômicas depositadas nas bases de dados, helicases, poliApolimerases, aminoacil-tRNA sintetases participam nos mecanismos genéticos fundamentais desde a replicação, transcrição e tradução, mecanismos que garantem a transmissão da informação genética, a formação e estabilidade dos ácidos nucleicos e expressão da informação genética para a formação das proteínas que conferem as características que tornam este oomicete tão agressivo e letal para as plantas que parasita nomeadamente o Castanheiro.

CONCLUSÃO

As ferramentas bioinformáticas são muito importantes em pesquisas para a dedução de informação, a partir de sequências biológicas com o objetivo de caracterização de genes. Assim no presente trabalho foi possível prever através de homologia e similaridade de sequências entre proteínas a possível função de ORFs do genoma de *P. cinnamomi*. Mais estudos *in silico* neste âmbito devem ser realizados para um melhor conhecimento acerca dos fatores genéticos que nos ajudam a compreender como este microrganismo vive, se reproduz e se adapta a mudanças no ambiente, pois apesar de nas bases de dados estar disponível todo o genoma sequenciado deste microrganismo, ainda é bastante reduzida a informação deduzida sobre o metabolismo deste fitopatogénio.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Andrade Lourenço, D.; Branco, I. & Choupina, A. (2020) - Oomicetos fitopatogénicos: uma revisão com foco em *Phytophthora cinnamomi* e abordagens biotecnológicas. *Molecular Biology Reports*, vol. 47, p. 9179-9188. <https://doi.org/10.1007/s11033-020-05911-8>
- Abboud, A.; Bédoucha, P.; Byška, J.; Arnesen, T. & Reuter, N. (2020) - Dynamics-function relationship in the catalytic domains of N-terminal acetyltransferases. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, vol. 18, p. 532-547. <https://doi.org/10.1016/j.csbj.2020.02.017>
- Bansal, R.; Arya, V.; Sathy, R.; Rakesh, R. & Muthuswami, R. (2018) - RecA-like domain 2 of DNA-dependent ATPase A domain, a SWI2/SNF2 protein, mediates conformational integrity and ATP hydrolysis. *Bioscience Reports*, vol. 38, n. 3, art. BSR20180568. <https://doi.org/10.1042/BSR20180568>
- Burgess, T.I.; Scott, J.K.; McDougall, K.L.; Stukely, M.J.; Crane, C.; Dunstan, W.A.; Brigg, F.; Andjic, V.; White, D.; Rudman, T.; Arentz, F.; Ota, N. & Hardy, G.E. (2017) - Current and projected global distribution of *Phytophthora cinnamomi*, one of the world's worst plant pathogens. *Global Change Biology*, vol. 23, n. 4, p. 1661-1674. <https://doi.org/10.1111/gcb.13492>
- Bycroft, M.; Hubbard, T.J.; Proctor, M.; Freund, S.M. & Murzin, A.G. (1997) - The solution structure of the S1 RNA binding domain: a member of an ancient nucleic acid-binding fold. *Cell*, vol 88, n. 2, p. 235-242. [https://doi.org/10.1016/S0092-8674\(00\)81844-9](https://doi.org/10.1016/S0092-8674(00)81844-9)
- Chou, K.-C. & Cai, Y.-D. (2003) - Prediction and classification of protein subcellular location-sequence-order effect and pseudo amino acid composition. *Journal of Cellular Biochemistry*, vol. 90, n. 6, p. 1250-1260. <https://doi.org/10.1002/jcb.10719>
- Chou, K.-C. & Shen, H.-B. (2010) - New Method for Predicting the Subcellular Localization of Eukaryotic Proteins with Both Single and Multiple Sites: Euk-mPLoc 2.0. *PLoS ONE*, vol. 5, n. 4, art. e9931. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0009931>
- Devine, K.G. & Jheeta, S. (2020) - De Novo Nucleic Acids: A Review of Synthetic Alternatives to DNA and RNA That Could Act as Bio-Information Storage Molecules. *Life*, vol. 10, n. 12, art. 346. <https://doi.org/10.3390/life10120346>
- Dyda, F.; Klein, D.C. & Hickman, A.B. (2000) - GCN5-Related N-Acetyltransferases: A Structural Overview. *Annual Review of Biophysics and Biomolecular Structure*, vol. 29, p. 81-103. <https://doi.org/10.1146/annurev.biophys.29.1.81>

- Ebenhöh, O. & Heinrich, R. (2001) - Evolutionary optimization of metabolic pathways. Theoretical reconstruction of the stoichiometry of ATP and NADH producing systems. *Bulletin of Mathematical Biology*, vol. 63, n. 1, p. 21–55. <https://doi.org/10.1006/bulm.2000.0197>
- Emanuelsson, O.; Brunak, S.; von Heijne, G. & Nielsen, H. (2007) - Locating proteins in the cell using TargetP, SignalP and related tools. *Nature Protocols*, vol. 2, n. 4, p. 953–971. <https://doi.org/10.1038/nprot.2007.131>
- Fairman-Williams, M.E.; Guenther, U.P. & Jankowsky, E. (2010) - SF1 and SF2 helicases: family matters. *Current Opinion in Structural Biology*, vol 20, n. 3, p. 313–324. <https://doi.org/10.1016/j.sbi.2010.03.011>
- Goldberg, T.; Hamp, T. & Rost, B. (2012) - LocTree2 predicts localization for all domains of life. *Bioinformatics*, vol. 28, n. 18, p. i458–i465. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts390>
- Grüne, T.; Brzeski, J.; Eberharder, A.; Clapier, C.R.; Corona, D.F.; Becker, P.B. & Müller, C.W. (2003) - Crystal structure and functional analysis of a nucleosome recognition module of the remodeling factor ISWI. *Molecular Cell*, vol. 12, n. 2, p. 449–460. [https://doi.org/10.1016/s1097-2765\(03\)00273-9](https://doi.org/10.1016/s1097-2765(03)00273-9)
- Hardham A.R. (2005) - *Phytophthora cinnamomi*. *Molecular Plant Pathology*, vol. 6, n. 6, p. 589–604. <https://doi.org/10.1111/j.1364-3703.2005.00308.x>
- Hatakeyama, S.; Jensen, J.P. & Weissman, A.M. (1997) - Subcellular localization and ubiquitin-conjugating enzyme (E2) interactions of mammalian HECT family ubiquitin protein ligases. *The Journal of Biological Chemistry*, vol. 272, n. 24, p. 15085–15092. <https://doi.org/10.1074/jbc.272.24.15085>
- Ikai, A.J. (1980) - Thermostability and aliphatic index of globular proteins. *The Journal of Biochemistry*, vol. 88, n. 6, p. 1895–1898. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.jbchem.a133168>
- Jarmoskaite, I. & Russell, R. (2011) - DEAD-box proteins as RNA helicases and chaperones. *Wiley Interdisciplinary Reviews RNA*, vol. 2, n. 1, p. 135–152. <https://doi.org/10.1002/wrna.50>
- Jaskiewicz, L. & Filipowicz, W. (2008) - Role of Dicer in posttranscriptional RNA silencing. In: Paddison, P.J. & Vogt, P.K. (Eds.) - *RNA Interference. Current Topics in Microbiology and Immunology*, vol 320. Springer, Berlin, Heidelberg. pp. 77–97. https://doi.org/10.1007/978-3-540-75157-1_4
- Kyte, J. & Doolittle, R.F. (1982) - A simple method for displaying the hydrophobic character of a protein. *Journal of Molecular Biology*, vol. 157, n. 1, p. 105–132. [https://doi.org/10.1016/0022-2836\(82\)90515-0](https://doi.org/10.1016/0022-2836(82)90515-0)
- Liu, N.; Balliano, A. & Hayes, J.J. (2011) - Mechanism(s) of SWI/SNF-induced nucleosome mobilization. *Chembiochem*, vol 12, n. 2, p. 196–204. <https://doi.org/10.1002/cbic.201000455>
- Martin, G.; Keller, W. & Doublé, S. (2000) - Crystal structure of mammalian poly(A) polymerase in complex with an analog of ATP. *The EMBO Journal*, vol. 19, n. 16, p. 4193–4203. <https://doi.org/10.1093/emboj/19.16.4193>
- Ng, K.K.; Arnold, J.J. & Cameron, C.E. (2008) - Structure-function relationships among RNA-dependent RNA polymerases. In: Paddison, P.J. & Vogt, P.K. (Eds.) - *RNA Interference. Current Topics in Microbiology and Immunology*, vol 320. Springer, Berlin, Heidelberg. https://doi.org/10.1007/978-3-540-75157-1_7
- Ougland, R.; Zhang, C.M.; Liiv, A.; Johansen, R.F.; Seeberg, E.; Hou, Y.M.; Remme, J. & Falnes, P.Ø. (2004) - AlkB restores the biological function of mRNA and tRNA inactivated by chemical methylation. *Molecular Cell*, vol 16, n. 1, p. 107–116. <https://doi.org/10.1016/j.molcel.2004.09.002>
- Pazin, M.J. & Kadonaga, J.T. (1997) - SWI2/SNF2 and related proteins: ATP-driven motors that disrupt protein-DNA interactions. *Cell*, vol. 88, n. 6, p. 737–740. [https://doi.org/10.1016/s0092-8674\(00\)81918-2](https://doi.org/10.1016/s0092-8674(00)81918-2)
- Ray, P.S.; Sullivan, J.C.; Jia, J.; Francis, J.; Finnerty, J.R. & Fox, P.L. (2011) - Evolution of function of a fused metazoan tRNA synthetase. *Molecular Biology and Evolution*, vol 28, n. 1, p. 437–447. <https://doi.org/10.1093/molbev/msq246>
- Reeves, R. E., South, D. J., Blytt, H. J., & Warren, L. G. (1974). Pyrophosphate:D-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase. A new enzyme with the glycolytic function of 6-phosphofructokinase. *Journal of Biological Chemistry*, vol. 249, n. 24, p. 7737–7741. [https://doi.org/10.1016/S0021-9258\(19\)42029-2](https://doi.org/10.1016/S0021-9258(19)42029-2)
- Salinas, J.C. & Yuste Lisbona, F.Y. (2016) - *Manual de prácticas de Bioinformática*. Universidad Almería.
- Shen, L.; Song, C. X.; He, C. & Zhang, Y. (2014) - Mechanism and function of oxidative reversal of DNA and RNA methylation. *Annual Review of Biochemistry*, vol 83, p. 585–614. <https://doi.org/10.1146/annurev-biochem-060713-035513>
- Sigrell, J.A.; Cameron, A.D.; Jones, T.A. & Mowbray, S.L. (1997) - Purification, characterization, and crystallization of *Escherichia coli* ribokinase. *Protein Science*, vol. 6, n. 11, p. 2474–2476. <https://doi.org/10.1002/pro.5560061124>

- Thomas, J.O. & Travers, A.A. (2001) - MG1 and 2, and related 'architectural' DNA-binding proteins. *Trends in Biochemical Sciences*, vol. 26, n. 3, p. 167–174. [https://doi.org/10.1016/s0968-0004\(01\)01801-1](https://doi.org/10.1016/s0968-0004(01)01801-1)
- Wang, X.; McLachlan, J.; Zamore, P.D. & Tanaka, T.M. (2002) - Modular Recognition of RNA by a Human Pumilio-Homology Domain. *Cell*, vol. 110, n. 4, p. P501-P512. [https://doi.org/10.1016/S0092-8674\(02\)00873-5](https://doi.org/10.1016/S0092-8674(02)00873-5)
- Wang, X.; Zamore, P. D. & Hall, T. M. (2001) - Crystal structure of a Pumilio homology domain. *Molecular Cell*, vol. 7, n. 4, p. 855–865. [https://doi.org/10.1016/s1097-2765\(01\)00229-5](https://doi.org/10.1016/s1097-2765(01)00229-5)
- Wolf, Y.I.; Aravind, L.; Grishin, N.V. & Koonin, E.V. (1999) - Evolution of aminoacyl-tRNA synthetases-analysis of unique domain architectures and phylogenetic trees reveals a complex history of horizontal gene transfer events. *Genome Research*, vol. 9, n. 8, p. 689–710. <https://doi.org/10.1101/gr.9.8.689>
- Yu, C.S.; Chen, Y.C.; Lu, C.H. & Hwang, J.K. (2006) - Prediction of protein subcellular localization. *Proteins*, vol. 64, n. 3, p. 643-651. <https://doi.org/10.1002/prot.21018>
- Yu, B.; Edstrom, W.C.; Benach, J.; Hamuro, Y.; Weber, P.C.; Gibney, B.R. & Hunt, J.F. (2006) - Crystal structures of catalytic complexes of the oxidative DNA/RNA repair enzyme AlkB. *Nature*, vol. 439, n. 7078, p. 879–884. <https://doi.org/10.1038/nature04561>
- Zentmyer G.A. (1980) - *Phytophthora cinnamomi* and the diseases it causes. Monograph No. 10. American Phytopathological Society, St Paul Minnesota, USA. pp 96
- Zhang, Y.; Zagnitko, O.; Rodionova, I.; Osterman, A. & Godzik, A. (2011) - The FGGY carbohydrate kinase family: insights into the evolution of functional specificities. *PLoS Computational Biology*, vol. 7, n. 12, art. e1002318. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1002318>