

TRANSCRIPTOMA DO CAFEIEIRO (*Coffea arabica* L.) NA INTERAÇÃO COM *Hemileia vastatrix* Berk. & Br

Juan Carlos Florez¹; Eveline Teixeira Caixeta²; Rejane do Livramento Freitas¹; Luciana Souto Mofato³; Marcelo Falsarella Carazzolle³; Laércio Zambolim⁴

¹Universidade Federal de Viçosa (UFV); Instituto de Biotecnologia Aplicada à Agropecuária (Bioagro); Laboratório BioCafé; Viçosa – MG, Brasil

²Embrapa Café; Bioagro; Laboratório BioCafé; Viçosa – MG, Brasil; eveline.caixeta@embrapa.br (Autor correspondência)

³Universidade Estadual de Campinas; Instituto de Biologia, Departamento de Genética e Evolução; Laboratório de Genômica e Proteômica; Campinas-SP, Brasil

⁴UFV; Departamento de Fitopatologia; Viçosa - MG, Brasil

Os estudos de transcriptoma revelam a expressão de determinados genes na célula em uma condição biológica específica. Em um patossistema, entender a expressão gênica é essencial para a identificação dos genes relacionados com os mecanismos de defesa e resistência da planta, que são ativados pela presença do patógeno, bem como dos genes de patogenicidade do microrganismo. Para estudar o transcriptoma de um organismo, o método que tem sido utilizado é o sequenciamento de nova geração de mRNA, denominado RNA-seq. Esta abordagem permite monitorar a expressão de genes dos dois organismos em diferentes etapas ao longo do processo infeccioso. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi estudar o transcriptoma do cafeeiro durante a interação com *Hemileia vastatrix*, fungo causador da ferrugem, a fim de identificar os genes que são ativados ou reprimidos em resposta à infecção. Folhas dos cafeeiros *C. arabica* cv. Caturra (suscetível) e Híbrido de Timor CIFC 832/1 (resistente) foram inoculadas com esporos da raça XXXIII de *H. vastatrix* e coletadas em diferentes tempos após a inoculação (12, 24, 96 horas e 17 dias). Como controle, foram utilizadas folhas dos dois genótipos de café inoculados com água, além do esporo do fungo hidratado e germinado. Após a extração do RNA das amostras, foram obtidas as bibliotecas de cDNA, que foram sequenciadas usando a plataforma Illumina Miseq. As análises dos dados foram realizadas utilizando ferramentas de bioinformática e consistiram em: i) avaliação da qualidade das sequências com o programa *FastQC*; ii) trimagem dos dados e sobreposição de *reads* de acordo com os critérios de qualidade, usando *Pear* e *Clean Solexa*; iii) alinhamento dos transcritos com o genoma de referência de *Coffea canephora*, por meio dos programas *Tophat2* e *Bowtie2*. O conjunto das 12 bibliotecas gerou 118.506.504 de *reads paired-end*. Com a trimagem dos dados, o número aumentou para 128.055.709, pois a metodologia utilizada para filtrar considera os *reads forward* e *reverse* sobrepostos e os mesmos separados. A porcentagem de alinhamento das bibliotecas do cafeeiro, com e sem interação com o fungo, quando mapeadas com o genoma de referência de *C. canephora*, foi em média 46,6%. Este resultado era esperado, uma vez que a análise foi realizada na espécie *C. arabica*, utilizando como referência o genoma de *C. canephora*, que é um dos genitores que deram origem ao café arábica. Apenas 1% dos *reads* das bibliotecas de esporos do fungo mapeou com o genoma de referência de *C. canephora*. As estratégias utilizadas para a montagem do transcriptoma foram eficientes e permitiram a obtenção de um banco de dados com qualidade, o qual será utilizado para mineração de genes expressos no patossistema *C. arabica*-*H. vastatrix* durante a infecção.

Palavras-chave: Ferrugem do cafeeiro; RNA-seq; resistência à doença; sequenciamento de nova geração.

Apoio financeiro: CNPq; FAPEMIG; INCT/Café; CBP&D/Café