



XXII Encontro de Genética do Nordeste

ENGENE

V SNGHM | I GENÉTICA NA PRAIA | III SNGF
27 a 30 de Novembro de 2018 | Natal -RN

ANAIS 2018



Realização



Genética, Evolução e Melhoramento de Plantas

VALIDAÇÃO DE GENES NBS-LRR EM DUAS CULTIVARES DE VITIS INFECTADAS PELA BACTÉRIA XANTHOMONAS CITRI PV. VITICOLA

Autores: Jéssica Barboza da Silva¹; Roberta Lane de Oliveira Silva¹; João Pacífico Bezerra Neto¹; Flávia Figueira Aburjaile¹; Nataniel Franklin de Melo¹; Ana Maria Benko-Iseppon²;

E-mail para correspondência: jessica.ufpebio@gmail.com

Instituições: ¹Universidade Federal de Pernambuco, Departamento de Genética, Laboratório de Genética e Biotecnologia Vegetal, Recife, PE.; ²Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa Semiárido, Petrolina, PE, Brasil;

Palavras-chave: Defesa vegetal; Videira; RT-qPCR

Apoio: CNPq; CAPES.

A síntese de genes de resistência (*R*) representa a primeira linha de defesa vegetal frente ao ataque de agentes patogênicos. A família NBS-LRR é a mais representativa entre as classes de genes *R* e vêm sendo amplamente utilizada em abordagens biotecnológicas e no melhoramento genético de diversas culturas de importância agrônoma visando resistência a patógenos. O gênero *Vitis* destaca-se entre as espécies frutíferas cultivadas mundialmente, apresentando grande importância socioeconômica, sobretudo, na região do Vale do São Francisco em Pernambuco. No entanto, apesar dos altos rendimentos alcançados em sua produtividade, as espécies de videira cultivadas nessa região têm apresentado susceptibilidade a diversos patógenos, em especial à bactéria *Xanthomonas citri* pv. *viticola*. Diante disso, o presente trabalho objetivou validar a expressão diferencial de genes NBS-LRR candidatos via PCR quantitativa em tempo real (RT-qPCR) em acessos de videira contrastantes quanto à resistência a *X. citri*. Para tanto, tecidos foliares das cultivares Red Globe (susceptível ao cancro bacteriano) e do híbrido IAC-572 (moderadamente resistente ao cancro bacteriano) foram inoculados com a bactéria *X. citri* e coletados em três tempos distintos (90 minutos, 24 e 48 horas após a inoculação) e constituíram o material vegetal avaliado, comparativamente ao controle não inoculado. A extração do RNA total foi realizada a partir da associação do protocolo CTAB-Acetato e do Kit SV Total RNA Isolation System (Promega). A síntese de cDNA foi realizada por meio do Kit GoScript™ Reverse Transcription System (Promega) seguindo instruções do fabricante. Análises *in silico* nas bibliotecas de RNA-Seq (geradas de RNAs totais das duas cultivares de videira do tempo de 90 minutos) permitiram a identificação de transcritos diferencialmente expressos. Foram desenhados 14 pares de *primers* que codificavam transcritos NBS-LRR. As reações de RT-qPCR foram realizadas no termociclador CFX96 Touch Real-Time (Bio-Rad), utilizando triplicatas biológicas e técnicas três genes de referência (TRU5, TCBP e 60SRP). Dos 14 pares de *primers*, quatro foram eficientes nas amostras de cDNA da cultivar Red Globe e dois foram eficientes para a cultivar IAC-572. Apenas um par de *primer* (NBS-LRR12) foi eficiente em ambas as cultivares, sendo selecionado para a validação por RT-qPCR. As análises de quantificação relativa demonstraram que o gene NBS-LRR12 não apresentou expressão diferencial nos dois primeiros tempos de estresse nas duas cultivares. No entanto, com 48 horas após a inoculação, observou-se uma indução de 6,01 vezes na expressão desse alvo na cultivar IAC 572, ao passo que na cultivar Red Globe a sua expressão não foi significativa, indicando uma resposta genótipo específica, embora tardia, mas que sugere a participação desse alvo na resposta de defesa da planta frente ao patógeno. Os resultados obtidos contribuíram para um melhor entendimento das características moleculares dos genes NBS-LRR e sua participação no processo de defesa em videira, apresentando potencial para desenvolvimento de marcadores moleculares e aplicação em programas de melhoramento genético da cultura.