

# XIII Encontro Paranaense de Genética & X Genética nas Férias



## ANAIS 2016

**XIII Encontro Paranaense de Genética e X Genética nas Férias –  
“Tempos Modernos (08/06/2016 – 10/06/2016)”**

**Título: MONTAGEM DE NOVO DO TRANSCRIPTOMA DE *ANTICARSIA GEMMATALIS***

**Área Temática:** Genética Animal

**Autores, instituição de vínculo e e-mail do primeiro autor:** PEZENTI, L. F.; GONÇALVES, K. B.; SOUZA, R. F.; VILAS-BOAS, L. A.; SOSA-GOMEZ, D. R.; Da ROSA, R. Universidade Estadual de Londrina. [laripez@hotmail.com](mailto:laripez@hotmail.com)

**Palavras chave:** *Anticarsia gemmatalis*; transcriptoma; RNA-seq.

**Resumo:**

*Anticarsia gemmatalis* Hübner 1818 (Lepidoptera: Noctuidae), conhecida como lagarta-da-soja é a desfolhadora mais comum da soja no Brasil, ocasionando perdas consideráveis na produtividade da cultura. Informações relevantes têm sido obtidas a respeito das bases genéticas e fisiológicas associadas à resistência de insetos a vários tipos de inseticidas, através da aplicação de técnicas moleculares para determinar padrões de expressão gênica. Entre elas, destaca-se o RNA-seq que permite quantificar o nível de expressão gênica, além de analisar a estrutura do transcriptoma sem a necessidade de um conhecimento prévio do genoma estudado. Dessa maneira, neste trabalho foram obtidos os transcritos de diferentes populações de *A. gemmatalis* (resistentes e suscetíveis, tratadas e não-tratadas com a proteína bioinseticida de *Bacillus thuringiensis* - Cry1Ac), e analisados o seu perfil transcricional através do RNA-seq. Foram construídas doze bibliotecas de cDNA (protocolo Illumina TruSeq Stranded mRNA LS) a partir de doze amostras de RNA extraídas conforme protocolo adaptado utilizando TRIzol® Reagent e o SV Total RNA Isolation System Promega. O sequenciamento foi realizado na plataforma *Illumina HiSeq 2500 V4* com leitura paired-end de 125pb. A qualidade dos reads obtidos foram verificados com FastQC v0.11.4, e trimados com Prinseq v0.20.4. A montagem do transcriptoma foi realizada na plataforma Trinity v2.2.0 com a estratégia *de novo*, pois não existe um genoma de referência para o mapeamento dos transcritos e construção de *contigs*. Os transcritos de uma das bibliotecas foram anotados e categorizados usando o software Blast2go v3.2.7, logo após a busca por similaridade dos transcritos contra banco de dados. O transcriptoma das doze bibliotecas de *A. gemmatalis* apresentou 754.280 transcritos, montados a partir de 503.590.692 reads, com uma média de 41.965.891 milhões de reads por biblioteca, e N50 variando de 1146 a 1520. Os dados apresentados são preliminares, porém este estudo nos permite reportar a montagem do transcriptoma de *A. gemmatalis* e apresentar dados preliminares de anotação funcional. Estes resultados abrem novas perspectivas para o estudo genômico de *A. gemmatalis*, e possibilitará a posterior identificação de genes candidatos relacionados aos mecanismos de resistência de importantes pragas agrícolas.

**Apoio Financeiro:** CAPES/CNPq; EMBRAPA Soja, CNPSO