



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

---

## ANÁLISE DE EXPRESSÃO GÊNICA DIFERENCIAL DE FATORES DE TRANSCRIÇÃO WRKY EM VIDEIRA SOB ESTRESSE BIÓTICO

**Autores:** Andreia Cristiny Cezarino de Araújo<sup>1</sup>; Roberta Lane de Oliveira Silva<sup>1</sup>; Jéssica Barboza da Silva<sup>1</sup>; Marianne Firmino de Oliveira<sup>1</sup>; João Pacífico Bezerra Neto<sup>1</sup>; Flávia Figueira Aburjaile<sup>1</sup>; Nataniel Franklin de Melo<sup>2</sup>; Ana Maria Benko-Iseppon<sup>1</sup>;

**E-mail para correspondência:** andreiacristinyac@gmail.com

**Instituições:** <sup>1</sup>Universidade Federal de Pernambuco; <sup>2</sup>Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária ? Embrapa Semiárido;

**Palavras-chave:** *Vitis vinifera*; *Xanthomonas citri*; RT-qPCR

**Apoio:** Apoio: CAPES, CNPq e FACEPE.

Os fatores de transcrição WRKY pertencem a uma das maiores famílias de proteínas regulatórias no reino vegetal. A característica que dá nome à família é o domínio WRKY, uma região altamente conservada que contém o heptapeptídeo WRKYGQK e um motivo “dedo-de-zinco” C2H2 ou C2HC. As proteínas WRKY têm sido descritas como reguladores transcricionais em vários processos fisiológicos e moleculares dos vegetais, incluindo a senescência foliar, o desenvolvimento de tricomas e das sementes, a remodelagem da cromatina, em resposta a estresses abióticos e bióticos, entre outros. No entanto, ainda se conhece pouco sobre o papel dessa família gênica na interação patogênica da videira com a bactéria *Xanthomonas citri* pv. *viticola*, causadora do cancro bacteriano, uma das principais doenças que afetam a produção da cultura em Pernambuco. Assim, o presente estudo se propôs a validar transcritos WRKY via PCR quantitativa em tempo real (RT-qPCR) em acessos de videira infectados com *X. citri* em três tempos distintos (90 minutos, 24 e 48 horas) após a inoculação com a bactéria. O material vegetal utilizado nas análises moleculares foi constituído por tecidos foliares das cultivares Red Globe (susceptível ao cancro bacteriano) e do híbrido IAC-572 (moderadamente resistente ao cancro bacteriano), inoculados ou não com a bactéria *X. citri*. Análises *in silico* nas bibliotecas de RNA-Seq (geradas de RNAs totais de tecidos foliares das duas cultivares de videira coletadas no tempo de 90 minutos) permitiram a identificação de transcritos diferencialmente expressos. Foram desenhados cinco pares de *primers* para transcritos WRKY, os quais foram submetidos a uma PCR *in silico* no Primer-BLAST do NCBI visando confirmar sua anotação e especificidade. Dos cinco pares de *primers*, dois foram eficientes (WRKY1 e WRKY4) nas amostras de cDNA das duas cultivares utilizadas, sendo então selecionados para a validação por RT-qPCR. Em todas as reações de RT-qPCR foram utilizadas triplicatas biológicas e técnicas, além de três genes de referência previamente selecionados. As análises de quantificação relativa demonstraram que na cultivar resistente, o gene WRKY1 foi induzido (1,5 vez) em relação ao seu controle, após 90 minutos de estresse. Com 24 horas após a inoculação, sua expressão foi reprimida (0,281 vezes), e com 48 horas, foi observada uma indução de 2,7 vezes, quando comparado aos grupos controles. Na cultivar susceptível, não foi observada expressão diferencial significativa em nenhum dos tempos avaliados. Já o gene WRKY4, apresentou indução de 1,499 e 1,965 vezes com 90 minutos e 24 horas de estresse, respectivamente, enquanto que o de 48 horas não significativo quando avaliado na cultivar resistente. Entretanto, na cultivar susceptível, foi observada superexpressão de 1,7 e 2,9 vezes nos tempos mais tardios (24 e 48 horas após a inoculação) em relação aos controles não inoculados. Os resultados obtidos neste estudo auxiliaram na identificação de WRKY atuantes nas vias de tolerância a bactéria *X. citri*, sugerindo que os mesmos possam estar participando ativamente da resposta de defesa da planta frente ao ataque do patógeno, sendo candidatos promissores para aplicação no melhoramento genético da videira.