

Estratégias moleculares para o controle de fitonematóides do algodoeiro. Souza, DSL¹; Barbosa AEAD¹; Grossi-de-Sá MF¹. ¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, PqEB-Final W5 Norte-CP02372, Brasília/DF, Brasil, Fone: 61 34484705/92133729. E-mail: djairsouza@yahoo.com.br. Molecular strategies to the control of nematodes in cotton.

O algodão (*Gossypium hirsutum*) é uma cultura importante em todos os continentes, sendo considerada a maior fonte de fibras têxteis no mundo. Porém, esta cultura sofre danos consideráveis devido ao ataque de insetos-praga e patógenos, o que afeta sua produtividade e levam a grandes perdas na produção. No grupo dos patógenos que infectam o algodão estão incluídos os vírus, micoplasmas, bactérias e os fitonematóides. Os fitonematóides contribuem para perdas globais na agricultura de cerca de US\$ 157 bilhões por ano. Dentre as espécies de fitonematóides que infectam o algodão, podemos destacar *Meloidogyne incognita* e *Rotylenchulus reniformes*, sendo a primeira espécie a mais agressiva no Brasil. Muitos genes expressos durante as interações plantas-nematóides já foram identificados por meio de estratégias genômicas e, atualmente, novas técnicas de sequenciamento massal em paralelo (pirosequenciamento e Illumina) possibilitam a detecção da expressão diferencial entre genótipos resistentes e suscetíveis a um determinado patógeno de forma rápida, precisa e barata. Nesse sentido, esforços estão sendo feitos para gerar transcriptomas de variedades de algodão infectadas com nematóides, com o objetivo de compreender melhor as interações moleculares entre os nematóides e o algodão, possibilitando os programas de melhoramento baseados na transferência da resistência via transgenia para variedades susceptíveis da planta hospedeira. Adicionalmente, a expressão heteróloga em plantas de fatores nematicidas, inibidores de proteinases, toxinas Cry, propeptídeos de proteinases e lectinas demonstraram ser efetivos na diminuição da reprodução em várias espécies de fitonematóides. Por fim, estudos integrados de genômica funcional têm gerado muita informação acerca da importância de diferentes genes para o parasitismo dos fitonematóides. Atualmente, o RNA de interferência (RNAi) é utilizado amplamente em estudos visando à elucidação da função de genes específicos para melhor conhecimento da química celular. Adicionalmente, inúmeros estudos com foco no controle de doenças de plantas e animais, incluindo humanos, têm demonstrado resultados promissores que reforçam a importância do RNAi como ferramenta biotecnológica fundamental para a medicina, a agricultura, a piscicultura e outras ciências. A introdução de dsRNA em nematóides parasitas de plantas foi iniciada pelo método de *soaking* e, atualmente, alguns genes de espécies de *Meloidogyne* já foram silenciados com sucesso com o uso desta técnica. A eficiência do RNAi para o controle de fitonematóides foi confirmada *in vivo* com fumo e *Arabidopsis*. Atualmente, em esforços conjuntos do Laboratório de Interação Molecular Planta-Praga (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia), estão sendo desenvolvidos alguns projetos que incluem a expressão de dsRNA em plantas modelo, o isolamento de metabólitos secundários nematicidas e a expressão heteróloga de propeptídeos de proteinases e defensinas, visando o controle de *M. incognita* no algodoeiro. Esses resultados serão apresentados no XLII Congresso Brasileiro de Fitopatologia. Apoio Financeiro: CNPq, CAPES, Embrapa.

MESA REDONDA 11 - Taxonomia

Taxonomia de fitopatógenos. Blum, LEB. UnB, Fitopatologia, Brasília/DF, 70910-900. E-mail: luizblum@unb.br. Taxonomy of plant pathogens.

A atualização em qualquer ramo das ciências é inevitável e constante. Especialmente, na taxonomia as mudanças são diversas em período curto. A sistemática ou taxonomia é ciência do desenvolvimento de um arranjo ordenado das espécies, dentro de cada uma das principais categorias de organismos. Nesta ciência se inclui a: **classificação** (arranjo), **nomenclatura** (nomes) e **identificação** (descrição e caracterização) dos organismos vivos. Portanto, taxonomia é ciência que estuda a identificação, nomenclatura e classificação dos seres vivos. Os principais tipos de classificação de organismos baseiam-se nas seguintes propriedades: (a) morfológica; (b) cultural e nutricional; (c) bioquímica; (d) sorológica, e; (e) molecular. A classificação fenotípica ocorre em função: (a) da morfologia macroscópica e microscópica; (b) das propriedades bioquímicas, e; (c) da composição antigênica de organismos. Nas últimas décadas, o arranjo fenotípico está sendo substituído por análises genotípicas que se fundamentam na homologia de DNA e sequenciamento de RNA. Com essa abordagem genotípica, podem ser definidos os relacionamentos entre organismos, revelando semelhanças e diferenças previamente não identificadas. Organismos causadores de doenças em plantas, entre eles, algumas espécies de fungos, bactérias e nematóides vêm constantemente sofrendo alterações taxonômicas. As alterações taxonômicas ocorrem tanto em níveis hierárquicos mais elevados, como Domínios e Reinos, quanto em níveis menos elevados ou específicos. Nos primórdios da ciência taxonômica, Linnaeus em 1735 propôs dois Reinos para agrupar os organismos, Vegetalia e Animalia, mais de um século após, Haeckel (1866) sugeriu os Reinos Protista, Plantae e Animalia. Na primeira metade do século passado Chatton (1937) sugeriu dois Domínios, Prokaryota e Eukaryota. Nos meados do século XX, Copeland (1956) organizou os organismos em quatro Reinos, Monera, Protocista, Plantae e Animália, e, cerca de dez anos após Whittaker (1969) sugeriu a organização em cinco Reinos, Monera, Protista, Fungi, Plantae e Animalia. Mais tarde, Woese & Fox (1977) propõem seis Reinos: Eubacteria, Archaeobacteria, Protista, Fungi, Plantae e Animalia. Cavalier-Smith em 1981 e 1986, subdividiu os Protista em Protozoa e Chromista. Em 1988, Margulis sugere a seguinte classificação: dois Domínios (Super-reinos) Prokarya e Eukarya,