

Estudo da expressão de genes diferenciais da interação *Musa* spp. x *Mycosphaerella musicola*

Paulo Henrique Silva¹; Cláudia Fortes Ferreira²; Edson Perito Amorim²; V. J. S. Santos¹; Alberto Duarte Vilarinhos²

¹Estudante de Mestrado da Universidade Federal de Lavras (UFLA); ²Pesquisador(a) da Embrapa Mandioca e Fruticultura. E-mails: claudiaf@cnpmf.embrapa.br, edson@cnpmf.embrapa.br, vila@cnpmf.embrapa.br

A cultura da bananeira é considerada uma importante fonte de alimento e de renda para muitas famílias, sendo a maior parte produzida por pequenos agricultores. O Brasil é o quinto maior produtor de banana no mundo com produção de aproximadamente 6,8 milhões de toneladas em 2009. Vários fatores afetam a cultura da bananeira, como por exemplo, a Sigatoka-amarela, causada pelo fungo *Mycosphaerella musicola* Leach. O fungo causa necrose foliar que conseqüentemente reduz a área fotossintética da planta podendo levar à morte da mesma. A mudança de posição quanto ao grau de importância, entre a Sigatoka-amarela e a Sigatoka-negra, está em curso, mas no caso brasileiro, na prática, isso ainda não ocorreu. A Sigatoka-amarela continua sendo de grande importância nas regiões de bananicultura mais competitivas no país. A doença encontra-se dispersa em todo o território nacional, causando grandes perdas à cultura. Portanto, o principal objetivo do trabalho foi inocular plantas de bananeira resistente (Caipira) e suscetível (Grande Naine) à Sigatoka-amarela com o intuito de analisar, em etapa posterior, os genes diferencialmente expressos. Para tanto, foi preparado uma suspensão de esporos na concentração de 4×10^4 conídios mL⁻¹ e a mesma aplicada na face inferior de folhas de plantas de cada variedade de bananeira, Caipira (resistente) e Grande Naine (suscetível), somando um total de 10 plantas para cada variedade. As plantas foram mantidas em telado sob irrigação e amostras das folhas (5 x 5 cm) foram coletadas nos tempos 0, 1, 2, 3, 5, 10, 15, 20, 30, 40, 50 e 60 dias após a inoculação, juntamente com seus respectivos controles (folhas borrifadas com água esterilizada). O RNA das amostras será extraído utilizando-se o kit da Ambion (Rnaqueous kit) e as mesmas enviadas à Helixxa para a construção de oito bibliotecas: 1) dos tempos iniciais (0, 1, 2 e 3 dias), 2) tempo intermediário (5, 10 e 15 dias, 3) tempo final (20 e 30 dias), e seus respectivos controles (Caipira e Grande Naine), utilizando-se a técnica de RNASeq. Os dados obtidos serão analisados e espera-se obter informações relevantes sobre a relação de genes sendo diferencialmente expressos; onde os mesmos serão validados via qRT_PCR.

Palavras-chave: Sigatoka-amarela; RNASeq; qRT_PCR
