



“A genética, a natureza e o ser humano: mudando mentalidades e transformando vidas”

17 a 21 de junho de 2012 - Complexo Multieventos da UNIVASF

Pólo Petrolina-PE/Juazeiro-BA

---

**Análise massal do transcrito de *Arachis stenosperma* para a identificação de genes de resistência a *Meloidogyne arenaria* raça 1**

MORGANTE, C.V.; BRASILEIRO, A.C.M.; LEAL-BERTIOLI, S.C.M.; BERTIOLI, D.J.; GUIMARÃES, P.M.

Carolina Vianna Morgante (Embrapa Semiárido); Ana Cristina Miranda Brasileiro (Embrapa Cenargen); Soraya Cristina de Macedo Leal Bertioli(Embrapa Cenargen); David John Bertioli(Universidade de Brasília); Patrícia Messenberg Guimarães (Embrapa Cenargen)

**Palavras-Chave/Keywords:** amendoim, nematoide, RNA-Seq

Nematoides formadores de galhas são um grupo de endoparasitas que infectam grande número de espécies vegetais de interesse agrônomico. Os juvenis penetram nas raízes onde formam sítios de alimentação, denominados células gigantes. A infecção leva a uma reprogramação genética e a formação de galhas. *Arachis hypogaea* é parasitada por espécies de *Meloidogyne* que causam perdas significativas em sua produtividade. A resistência a *M. arenaria* raça 1 foi identificada na espécie silvestre *A. stenosperma* por um mecanismo envolvendo uma resposta hipersensível, a qual previne a formação das galhas pela necrose dos tecidos próximos ao local da infecção. Com o objetivo de elucidar os mecanismos moleculares envolvidos nessa resistência, foi realizada a análise massal do transcrito de raízes de *A. stenosperma*. O bioensaio foi conduzido com 40 plantas de quatro semanas de idade inoculadas ou não por 22.000 juvenis de *M. arenaria* raça 1, em casa de vegetação, em experimento inteiramente casualizado. Raízes foram coletadas em quatro pontos: 0, 3, 6 e 9 dias após a inoculação. O RNA total foi isolado e bibliotecas de cDNA foram construídas para cada ponto de coleta em duplicata e sequenciadas pela técnica HiSeq2000 Illumina (mRNA-Seq). Foram gerados cerca de 11 bilhões de reads agrupados em aproximadamente 40.000 locos. Cerca de 6.000 genes foram identificados como diferencialmente expressos. Esse banco de sequências irá permitir uma avaliação detalhada da expressão gênica envolvida no mecanismo de resistência à infecção por *M. arenaria* para o desenvolvimento de marcadores moleculares e identificação de genes, representando uma importante ferramenta no melhoramento de amendoim.