



PERFIL COMPARATIVO DO TRANSCRIPTOMA EM *Psidium guajava* L. E *Psidium friedrichsthalianum* FORNECE EXPRESSÃO GÊNICA EM RESPOSTA À RESISTÊNCIA AO *Meloidogyne enterolobii*

Sara Nállia de Oliveira Costa 1, Felipe de Lima Andrade 2, Lucas Felipe da Silva 3, Paula Machado de Araújo 4, Juliana Martins Ribeiro 5, José Mauro da Cunha e Castro 6, Clicia Grativil Gaspar de Matos 7, Katia Castanho Scortecci 8 and Kátia Valevski Sales Fernandes 9

A goiabeira (*Psidium guajava* L.), espécie tropical da América do Sul, é considerada uma frutífera de relevância econômica no Brasil. Entretanto, interações sinérgicas entre o nematoide *Meloidogyne enterolobii* e o fungo *Fusarium solani* nas raízes destas plantas acarretam a formação de galhas e apodrecimento das raízes. Nesse contexto, *P. friedrichsthalianum* (Araçá Costa Rica) foi identificada como espécie resistente ao nematoide. Para melhor entender a relação de suscetibilidade e resistência à infecção por *M. enterolobii*, foi realizado o sequenciamento do transcriptoma de folhas das espécies *P. guajava* L. e *P. friedrichsthalianum* (de plantas controle e de plantas inoculadas com o nematoide) pela metodologia de RNA-seq, seguida pela montagem de sequências. Foram obtidos 60.836 contigs com N50 de 786 pb utilizando o sequenciador ILLUMINA (Illumina HiSeq 2000). As transcrições foram anotadas via Genomes Kyoto (KEGG) e Gene Ontology (GO). Para as quatro bibliotecas disponibilizadas no NCBI (National Center for Biotechnology Information) sob acesso PRJNA779437, realizou-se o mapeamento comparativo com o genoma de *Eucalyptus grandis* v2.0, por meio de ferramentas de bioinformática. Considerando os genes que possuem anotação no Phytozome e com expressão acima de 50 TPM, construíram-se um heatmap e uma rede de interação do tipo interactoma, com 68 genes. Desses, 21 estão intimamente relacionados à regulação dos fotossistemas I e II. Os demais estão envolvidos na produção de clorofila, rubisco e cadeia transportadora de elétrons. Também verificou-se alteração da expressão gênica relacionada às enzimas do estresse oxidativo, com redução de catalase, peroxidase e tireodoxina (mRNA splicing) em plantas de *P. guajava* inoculadas e aumento das mesmas enzimas em *P. friedrichsthalianum* na mesma condição. Com isso, sugere-se a ocorrência de um efeito sistêmico nas folhas de *Psidium* spp. como resposta à infecção nas raízes, refletido por alterações nas vias fotossintéticas. Adicionalmente, também ocorre alteração da expressão de genes relacionados ao metabolismo fenólico, atuante na defesa de plantas contra os estresses bióticos e abióticos.

Instituição do Programa de PG: Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro
Eixo temático: Ômicas
Fomento da bolsa: CAPES

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:

APOIO:



COMPARATIVE TRANSCRIPTOME PROFILING IN *Psidium guajava* L. AND *Psidium friedrichstalianum* PROVIDES GENE EXPRESSION RESPONSE TO RESISTANCE TO *Meloidogyne enterolobii*

Sara Nállia de Oliveira Costa 1, Felipe de Lima Andrade 2, Lucas Felipe da Silva 3, Paula Machado de Araújo 4, Juliana Martins Ribeiro 5, José Mauro da Cunha e Castro 6, Clicia Grativil Gaspar de Matos 7, Katia Castanho Scortecci 8 and Kátia Valevski Sales Fernandes 9

The guava tree (*Psidium guajava* L.), a tropical species from South America, is considered a fruit of economic relevance in Brazil. However, synergistic interactions between the nematode *Meloidogyne enterolobii* and the fungus *Fusarium solani* in the roots of these plants lead to the formation of galls and root rot. In this context, *P. friedrichstalianum* (Araçá Costa Rica) was identified as a species resistant to the nematode. To better understand the relationship between susceptibility and resistance to infection by *M. enterolobii*, the transcriptome of leaves of the species *P. guajava* L. and *P. friedrichstalianum* (from control plants and plants inoculated with the nematode) was sequenced using the methodology of RNA-seq, followed by sequence assembly. 60,836 contigs with N50 of 786 bp were obtained using the ILLUMINA sequencer (Illumina HiSeq 2000). Transcripts were annotated via Genomes Kyoto (KEGG) and Gene Ontology (GO). For the four libraries available at the NCBI (National Center for Biotechnology Information) under accession PRJNA779437, comparative mapping with the genome of *Eucalyptus grandis* v2.0 was carried out using bioinformatics tools. Considering the genes that are annotated in the Phytozome and with expression above 50 TPM, a heatmap and an interaction network of the interactome type were constructed, with 68 genes. Of these, 21 are closely related to the regulation of photosystems I and II. The others are involved in the production of chlorophyll, rubisco and the electron transport chain. There was also alteration in gene expression related to oxidative stress enzymes, with reduction of catalase, peroxidase and tiredoxin (mRNA splicing) in inoculated *P. guajava* plants and increase of the same enzymes in *P. friedrichstalianum* under the same condition. With this, it is suggested the occurrence of a systemic effect in the leaves of *Psidium* spp. as a response to root infection, reflected by changes in photosynthetic pathways. Additionally, there is also alteration in the expression of genes related to phenolic metabolism, active in the defense of plants against biotic and abiotic stresses.

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:

APOIO: