

Interação trigo – wheat stripe mosaic virus e os mecanismos genéticos subjacentes à infecção viral⁽¹⁾

Samara Campos do Nascimento⁽²⁾, Douglas Lau⁽³⁾, Antonio Nhani Junior⁽⁴⁾ Poliana Fernanda Giachetto⁽⁴⁾ e Fabio Nascimento da Silva⁽⁵⁾

⁽¹⁾Trabalho realizado com apoio financeiro do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), da Fundação Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes) e da Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação de Santa (Fapesc). ⁽²⁾Estudante de doutorado, Universidade do Estado de Santa Catarina, Lages, SC. ⁽³⁾Pesquisador, Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS. ⁽⁴⁾Pesquisador, Embrapa Agricultura Digital, Campinas, SP. ⁽⁵⁾Professor, Universidade do Estado de Santa Catarina, Lages, SC.

Resumo – O wheat stripe mosaic virus (WhSMV, *Benyvirus*), agente causal do mosaico-comum em trigo em países do hemisfério sul, é uma espécie nova descrita no Brasil. Essa virose caracteriza-se por sintomas de mosaico, plantas atrofiadas e danos ao rendimento de grãos superiores a 50% em genótipos mais suscetíveis. A resistência genética é a forma de controle mais eficaz, mas a interação molecular trigo-WhSMV e os mecanismos de defesa são desconhecidos. O objetivo desse estudo foi realizar a comparação do perfil transcriptômico de duas cultivares contrastantes quanto à suscetibilidade ao WhSMV: BRS Guamirim, suscetível (S) e Embrapa16, resistente (R). Um total de 2.244, 2.505, 5.172 e 3.331 genes diferencialmente expressos (DEGs) foram identificados nas comparações (R) com e sem infecção viral; (S) com e sem infecção viral; (R) x (S) com infecção viral; e (R) x (S) sem infecção viral, respectivamente. A anotação da ontologia do genoma (GO) revelou vários DEGs enriquecidos associados a processos biológicos, como metabolismo de fitohormônios, fotossíntese e resposta de defesa a estímulos bióticos. Infere-se que genes relacionados à biossíntese hormonal e à fotossíntese podem desempenhar papel importante no desenvolvimento de sintomas. Além disso, vários genes envolvidos em respostas a estresse e mecanismos de defesa foram enriquecidos, como CALM, WRKY33, PR1, RPM1, NBS-LRR, e genes relacionados a proteínas quinases. Estes resultados começam a revelar componentes moleculares da interação trigo-WhSMV, sendo a base para dissecação dos mecanismos genéticos relacionados à suscetibilidade/resistência à doença.

Termos para indexação: *Triticum aestivum*, virose, doença de planta, DEGs, resistência genética.