

LIBRO DE RESÚMENES / ABSTRACT BOOK

**V SIMPOSIO INTERNACIONAL DE FRUTICULTURA TROPICAL
Y SUBTROPICAL / IX SIMPOSIO INTERNACIONAL DE PIÑA
“FRUTICULTURA 2017”**

“Por una fruticultura competitiva y sostenible”

**V INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON TROPICAL AND
SUBTROPICAL FRUIT GROWING / IX INTERNATIONAL
PINEAPPLE SYMPOSIUM "FRUTICULTURA 2017"**

“For a competitive and sustainable fruit growing”

HOTEL NACIONAL DE CUBA

**15 AL 19 DE OCTUBRE DE 2017
LA HABANA-CUBA**

**EL CONTENIDO DE LOS RESÚMENES ES RESPONSABILIDAD DE LOS AUTORES. /
AUTHORS ARE RESPONSABLE OF THE CONTENT OF THE ABSTRACT.**



Hotel Nacional de Cuba • del 15 al 19 de octubre • La Habana • Cuba

IX Simposio Internacional de Piña



PPPP-2. ANÁLISIS DEL TRASNCRIPTOMA DE PLANTAS SINTOMÁTICAS Y ASINTOMÁTICAS DE PIÑA INFECTADAS CON PMWaV. / TRANSCRIPTOME ANALYSIS OF SYMPTOMATIC AND ASYMPTOMATIC PMWaV INFECTED PLANTS.

Fernanda N. Ms. Peron^{1*}, José Aires Ventura^{1;2*}, Patrícia M.B. Fernandes¹.

¹Laboratório de Biotecnologia Aplicada, Universidade Federal do Espírito Santo, Av. Marechal Campos, 1498, 29040090 Vitória-ES, Brazil; peronfnp@gmail.com. ²Rua Afonso Sarlo 160, Bento Ferreira, 29.052.010 Vitória-ES, Brazil; ventura@incaper.es.gov.br

Resumen

Brasil es el segundo mayor productor de piña (*Ananas comosus* var *comosus*) con una producción anual de 25 millones de toneladas. Sin embargo, la marchitez de la piña (MWP) puede conducir a pérdidas de hasta el 80% de la producción. El MWP es causado por el complejo de virus asociado al marchitamiento de la piña de la piña (PMWaV) asociado con los cochinillas *Dysmicoccus brevipes*. La enfermedad se caracteriza por la sequedad de las raíces, el marchitamiento de la planta y la consiguiente dificultad en la fructificación. Los mecanismos moleculares implicados en la interacción planta-patógeno en la sintomatología de MWP todavía no están claros. En este trabajo, el transcriptoma comparativo de plantas de piña asintomáticas y sintomáticas se evaluó utilizando la tecnología de secuenciación de ARN Illumina. De un total de 79 millones de lecturas por muestra, se identificaron 16.097 genes utilizando el alineador STAR. El análisis diferencial de expresión génica se llevó a cabo utilizando DESeq2 con un límite de FDR de $\leq 0,05$. Del conjunto de genes expresados diferencialmente (DEGs) 268 fueron regulados y 121 fueron regulados hacia abajo en plantas asintomáticas. Los términos de ontología de genes enriquecidos fueron identificados mediante el análisis de AgriGO (Plant Slim GO y ontología de genes de procesos biológicos). La respuesta al estímulo, la respuesta al estrés y la respuesta al estímulo abiótico fueron los tres términos GO más enriquecidos significativamente con 44%, 31% y 22% de las DEG, respectivamente. Además, el análisis indicó la sobreexpresión de genes implicados en la defensa de plantas, lo que justifica la aparición de plantas infectadas y asintomáticas que pueden ayudar en la identificación de genes implicados en la tolerancia de la piña a PMWaV. Por lo tanto, este trabajo proporciona información complementaria para la comprensión de la interacción piña-PMWaV. Apoyo del CNPq y FAPES.

Palabras clave: cochinilla, piña, PMWaV, interacción, tolerancia

Abstract

Brazil is the second largest producer of pineapple (*Ananas comosus* var *comosus*) with an annual production of 25 million tons. However, mealybug wilt of pineapple (MWP) can lead to losses of up to 80% of production. MWP is caused by the *Pineapple mealybug wilt-associated virus* (PMWaV) complex associated with the mealybugs *Dysmicoccus brevipes*. The disease is characterized by the dryness of the roots, wilting of the plant and consequent difficulty in fruiting. The molecular mechanisms involved in plant-pathogen interaction in the symptomatology of MWP are still unclear. In this work, the comparative transcriptome of asymptomatic and symptomatic pineapple plants was evaluated using Illumina RNA sequencing technology. From a total of 79 million reads per sample, 16,097 genes were identified using STAR aligner. Differential gene expression analysis was carried out using DESeq2 with an FDR cutoff of ≤ 0.05 . From the set of differentially expressed genes (DEGs) 268 were up-regulated and 121 were down-regulated in asymptomatic plants. The enriched gene ontology terms were identified using AgriGO analysis (Plant Slim GO and biological process gene ontology). Response to stimulus, response to stress and response to abiotic stimulus were the three most significantly enriched GO terms with 44%, 31% and 22% of the DEGs respectively. In addition, the analysis indicated the overexpression of genes involved in plant defense, which justifies the occurrence of infected and asymptomatic plants that may assist in the identification of genes involved in pineapple tolerance to PMWaV. Thus, this work provides complementary information for the understanding of pineapple-PMWaV interaction. Support provided by CNPq and FAPES.

Keywords: mealybug, pineapple, PMWaV, interaction, tolerance.