



**RESPOSTA DE *CITRUS SINENSIS* (LARANJA DOCE) E *CITRUS PARADISI* (POMELO) AO  
PSILÍDEO *DIAPHORINA CITRI*, VETOR DO HUANGLONGBING**

Jeniffer Gabriela da **Silva**<sup>1</sup>; Michèle Claire **Breton**<sup>2</sup>; Juliana **Freitas-Astúa**<sup>3</sup>;

Marinês **Bastianel**<sup>4</sup>; Valdenice Moreira **Novelli**<sup>5</sup>

**Nº 15120**

**RESUMO** - O huanglongbing (HLB) é considerada a pior e mais destrutiva doença de citros no mundo e ainda não se conhecem medidas eficientes para o controle. É causada por bactérias gram-negativas, restritas ao floema das plantas hospedeiras, denominadas *Candidatus Liberibacter spp.* No Brasil, o HLB foi detectado pela primeira vez em pomares do estado de SP, causada por *Ca. Liberibacter asiaticus* e *Ca. L. americanus* e transmitidas pelo psilídeo *Diaphorina citri*. Sabe-se que estímulos olfativos orientam os insetos na busca e seleção de hospedeiros e, em citros, os estímulos são produzidos por compostos voláteis. Neste trabalho foi utilizada a ferramenta de transcriptômica RNAseq para identificar genes diferencialmente expressos (GDE) em três genótipos: *Citrus sinensis* Bahia, variedade preferida do psilídeo para se alimentar; *C. sinensis* Pêra, de preferência intermediária, e *C. paradisi*, de menor preferência. As plantas foram infestadas com 100 psilídeos adultos sadios, e folhas jovens a intermediárias foram coletadas em dois tempos: 1 dia após a infestação (d.a.i) (T1); 21 d.a.i. (T21), e tempo controle, antes da infestação (T0). Foi feita a extração de RNA total das folhas e sequenciamento pair end (RNAseq) para amostras de laranja Pêra. As análises para GDE foram feitas via ferramentas CLC Genomics Workbench 4.5, DESeq, baySeq e edgeR, e a anotação utilizando os bancos de dados Phytozome v10 e Blast2GO. Esses resultados *in silico* deverão ser correlacionados ao hábito alimentar do psilídeo e às vias de resposta da planta à herbivoria e auxiliarão nos futuros trabalhos com o HLB dos citros.

**Palavras-chave:** RNASeq, transcriptoma, time course, greening.

1 Autor, Bolsista CNPq (PIBIC): Graduação em Biomedicina, UNIARARAS-FHO, Araras-SP; jeniffergabrielaa@hotmail.com

2 Colaboradora, Bolsista Fapesp - IAC, Cordeirópolis-SP.

3 Colaboradora, Pesquisadora Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, BA.

4 Colaboradora, Pesquisadora do Centro de Citricultura “Sylvio Moreira”-IAC, Cordeirópolis-SP.

5 Orientador: Pesquisador do Centro de Citricultura “Sylvio Moreira”-IAC, Cordeirópolis-SP; valdenice@centrodecitricultura.br



**RESPONSE OF *CITRUS SINENSIS* AND *C. PARADISI* TO *DIAPHORINA CITRI*, THE  
VECTOR OF HUANGLONGBING**

Jeniffer Gabriela da **Silva**<sup>1</sup>; Michèle Claire **Breton**<sup>2</sup>; Juliana **Freitas-Astúa**<sup>3</sup>;

Marinês **Bastianel**<sup>4</sup>; Valdenice Moreira **Novelli**<sup>5</sup>

**ABSTRACT-** *The huanglongbing (HLB) is considered the most destructive disease that occurs in commercial cultivars of citrus in the world and there are no known efficient measures for the control. HLB is caused by gram-negative bacteria, restricted to the phloem of the host plant, named Candidatus Liberibacter spp. In Brazil, HLB was first detected in orchards in the State of SP and is caused by Ca. Liberibacter asiaticus and Ca. L. americanus, transmitted by the Asian citrus psyllid (ACP) D. citri. Olfactory stimuli guide the insects to the search and selection of suitable hosts and, in citrus, these stimuli are produced by volatile compounds. In this study was used the transcriptomic approach RNAseq to identify differentially expressed genes (DEG) in three genotypes: Citrus sinensis Bahia, a variety preferred by the ACP to feed; C. sinensis Pêra, of intermediary preference, and C. paradisi, of lower preference. The plants were infested with 100 adult psyllids and healthy young to intermediate leaves were collected: before infestation (T0), 1 day after infestation (d.a.i) (T1) and 21 d.a.i (T21). Total RNA was extracted from the leaves and pair end sequencing (RNAseq) was performed for the Pêra samples. DEG were identified using CLC Genomics Workbench 4.5, DESeq, baySeq and edgeR tools and the annotation of the DEG was performed based on the databases Phytozome v10 and Blast2GO. These in silico results shall be correlated to the feeding habit of the ACP and the plant response to herbivory and may assist in future work with HLB of citrus.*

**Key-words:** RNASeq, transcriptome, time course, greening.

1 Autor, Bolsista CNPq (PIBIC): Graduação em Biomedicina, UNIARARAS-FHO, Araras-SP; jeniffergabrielaa@hotmail.com

2 Colaboradora, Bolsista Fapesp - IAC, Cordeirópolis-SP.

3 Colaboradora, Pesquisadora Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, BA.

4 Colaboradora, Pesquisadora do Centro de Citricultura “Sylvio Moreira”-IAC, Cordeirópolis-SP.

5 Orientador: Pesquisador do Centro de Citricultura “Sylvio Moreira”-IAC, Cordeirópolis-SP; valdenice@centrodecitricultura.br