



## XXXVI CONGRESSO PAULISTA DE FITOPATOLOGIA

Instituto Biológico - São Paulo, SP - 19 a 21 de Fevereiro de 2013

**A GENÔMICA COMO FERRAMENTA PARA ESTUDO DO ÁCARO VETOR** / Genomics as tool to study the mite vector. M.P. BERGAMINI<sup>1</sup>, M.A. NUNES<sup>1</sup>, J. FREITAS-ASTÚA<sup>1,2</sup>; D.NAVIA<sup>3</sup>; R.S. MENDONÇA<sup>3</sup>, V.POLEZ<sup>3</sup>; V.M. NOVELLI<sup>1</sup>.<sup>1</sup>Centro APTA Citros Sylvio Moreira-IAC, C.P 4, 13490-970, Cordeirópolis, SP; <sup>2</sup>Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, BA; <sup>3</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. Email: marcela.pagoto@gmail.com.

A leprose do citros, causada pelo *Citrus leprosis virusC* (CiLV-C), tem como vetor o ácaro *Brevipalpus phoenicis* (Acari: Tenuipalpidae) e é uma das doenças virais de maior importância para a citricultura brasileira. Tecnologias que permitam o controle do vetor são extremamente desejáveis para o manejo da doença. Dentre estas, o sequenciamento de *B. phoenicis* permitirá obter informações relevantes sobre a biologia e a evolução desta espécie, bem como a prospecção de moléculas que possam ser utilizadas em seu controle. Para o sequenciamento são necessárias informações genômicas prévias, assim, este trabalho objetivou estimar o tamanho do genoma de *B. phoenicis*, através de diferentes metodologias, fornecendo subsídios ao projeto genoma do ácaro. Como estratégia inicial foi estimado o tamanho do genoma por citometria de fluxo e, posteriormente, foram avaliadas sequências gênicas de cópias únicas para análises em PCR quantitativo. O genoma foi estimado em 86Mpb e duas potenciais sequências gênicas de cópias únicas foram validadas e estão em análise por qPCR. Estas informações estão sendo imprescindíveis para o estabelecimento de parâmetros de sequenciamento mais eficientes para obtenção do genoma completo do ácaro da leprose.

Apoio: Fapesp (processos2011/22291-1, 2011/13869-0).