



11º Congresso Interinstitucional de Iniciação Científica – CIIC 2017
02 a 04 de agosto de 2017 – Campinas, São Paulo
ISBN 978-85-7029-141-7

AVALIAÇÃO DO DESAFIO COM *XYLELLA FASTIDIOSA* EM LINHAGENS MUTANTES DE *ARABIDOPSIS THALIANA* PARA OS GENES MOA2.2 E ATJ2

Rayane de **Souza**¹; Raquel **Caserta**²; Cristiano Barbalho **Ferreira**³; Alessandra Alves de **Souza**⁴

Nº 17138

RESUMO – Uma doença destrutiva que afeta o citros e outras culturas importantes são causadas pela bactéria *Xylella fastidiosa*. Em citros, provoca clorose variegata, uma doença que afeta todas as variedades de laranja doce. Por outro lado, a fonte de resistência contra *X. fastidiosa* está no próprio gênero de citros, uma vez que a bactéria coloniza brevemente as pokans, mas não consegue aumentar a população na planta. Resultados anteriores sugerem que os ortólogos MOA2.2 e ATJ2 dos genes candidatos de *Citrus reticulata* estão possivelmente relacionados à interação *X. fastidiosa* neste hospedeiro. O MOA2.2 caracteriza-se por codificar a enzima glicolato oxidase, e ATJ2 é responsável por codificar uma chaperona. O objetivo deste trabalho foi esclarecer como *X. fastidiosa* se comporta na planta modelo *Arabidopsis thaliana* mutante para MOA2.2 e mutante para ATJ2. Os mutantes de *A. thaliana* e o tipo selvagem foram desafiados com *X. fastidiosa* e avaliados em diferentes tempos de infecção. Foi possível verificar que mesmo na ausência de MOA2.2 e ATJ2 a infecção ocorreu eficientemente nos mutantes. Comparando-se com o mutante MOA2.2, observou-se um aumento significativo de células bacterianas em plantas do tipo selvagem, enquanto a população de células nas linhagens mutantes foi significativamente menor e não aumentou ao longo do tempo - resultados analisados por qPCR. Esses resultados sugerem que o ortólogo MOA2.2 é possivelmente um gene relacionado com a susceptibilidade e que o patógeno pode modular genes de plantas para favorecer sua colonização.

Palavras-chaves: Interação planta-patógeno, crescimento bacteriano.

1 Autor, Bolsista CNPq (PIBIC): Graduação em Biotecnologia, UFSCar, Araras-SP; rayanesouza.j@gmail.com

2 Colaborador, Bolsista CNPq Pós Doutoranda no Centro de Citricultura; Cordeirópolis, SP

3 Colaborador, Doutorando na UNICAMP; Campinas, SP.

4 Orientador: Pesquisador do Centro de Citricultura, Cordeirópolis, SP; desouza@ccsm.br



11º Congresso Interinstitucional de Iniciação Científica – CIIC 2017
02 a 04 de agosto de 2017 – Campinas, São Paulo
ISBN 978-85-7029-141-7

ABSTRACT – *One destructive disease that affect citrus and other important economic cultures are caused by the bacterium Xylella fastidiosa. In citrus it causes Citrus Variegated Chlorosis, a disease that affects all sweet orange varieties. On the other hand, the source of resistance against X. fastidiosa is in the citrus genus itself, since the bacterium briefly colonize mandarins, but fails to increase the population in plant. Previous results suggest that MOA2.2 and ATJ2 orthologues of candidates genes from Citrus reticulata are possibly related to X. fastidiosa interaction in this host. MOA2.2 is characterized by encoding the enzyme glycolate oxidase, and ATJ2 is reponsible to enconde a chaperone. The goal of this work was to clarify how X. fastidiosa behaves in the model plant Arabidopsis thaliana mutant line for MOA2.2 and ATJ2. A. thaliana mutants and wild type were challenged with X. fastidiosa and evaluated at different time course of infection. It was possible to verify that even in the absence of MOA2.2 and ATJ2 the infection occurred efficiently in the mutants. However, in the mutant MOA2.2, was observed a higher and temporal increase of bacterial cells in wild-type plants, while the cells population in the mutant lines was significantly lower and did not increase over the time – results analyzed by qPCR. These results suggest that the orthologue of MOA2.2 is a gene related with the susceptibility and that the pathogen may modulate plant genes to favor its colonization.*

Keywords: Pathogen-host interaction, bacterial growth.