

NEXT GENERATION SEQUENCING (NGS): UMA FERRAMENTA ÚTIL PARA A INDEXAÇÃO E DESCOBERTA DE VÍRUS QUE INFECTAM PLANTAS

Tatsuya Nagata, Thiago Marques Costa, Rosana Blawid

Uma nova abordagem usando a tecnologia "Next Generation Sequencing" (NGS) para identificar vírus desconhecidos está se tornando comum. Esta ferramenta é muito poderosa especialmente para os vírus que não podem ser mantidos por inoculações mecânicas ou em doenças causadas por complexos virais. O nosso grupo vem utilizando esta tecnologia para estudar a doença "Amarelão do Meloeiro", cujos agentes causais ainda não foram definitivamente identificados, mesmo após décadas do seu primeiro relato. O RNA total de amostras semi-purificadas oriundo de folhas de meloeiros com sintomas de amarelão coletadas em Mossoró/RN e Juazeiro/BA foi sequenciado utilizando Illumina HiSeq 2000 e três vírus foram identificados como relevantes. As sequências genômicas quase completas destes vírus foram montadas utilizando o programa Geneious e, em seguida, as sequências de genoma completo foram determinadas por sequenciamento convencional. Estudos de caracterização biológica, como gama de hospedeiros, a transmissão por vetores e a sintomatologia desses vírus, estão em andamento, assim como o levantamento de campo e a construção de clones infecciosos, uma vez que estes vírus não são transmitidos por inoculação mecânica. A presença de três vírus, potenciais candidatos como agente etiológico da doença, só pôde ser identificada pelo poder do NGS.