

GENÔMICA EM ACAROLOGIA AGRÍCOLA - ESTADO DA ARTE E PERSPECTIVAS
GENOMICS IN AGRICULTURAL ACAROLOGY - UPDATE AND PERSPECTIVES

R.S. Mendonça¹ & D. Navia¹

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia/CNPq, Brasília, DF.

O sequenciamento e anotação do genoma do ácaro rajado, *Tetranychus urticae* Kock, primeiro genoma completo de um Chelicerata, trouxe novas perspectivas sobre a evolução dos artrópodes, interação herbívoro-planta e forneceu recursos avançados para proteção de plantas. *Tetranychus urticae* afeta 1.124 plantas incluindo espécies produtoras de compostos tóxicos. É considerado uma das principais pragas agrícolas em todo o mundo e possui uma habilidade de desenvolver resistência a pesticidas. O genoma de *T. urticae* ilustrou uma história de vida especializada com a presença de famílias de genes envolvidos com a quebra de compostos tóxicos e capacidade de desintoxicação; transferência lateral de genes semelhantes a bactérias e fungos; diferenças com outros artrópodes na organização e utilização dos hormônios associados ao desenvolvimento e ecdise. Também evidenciou inovação evolucionária com relação à produção de fios de seda, super resistentes e muito mais finos do que os das aranhas. As descobertas incentivaram o estudo de novos genomas em Acarina. Atualmente esforços vêm sendo dirigidos para obtenção de informações sobre o genoma de diversos outros ácaros de importância agrícola, incluindo outro tetraniquídeo, *Tetranychus evansi* Baker & Pritchard; o eriofíideo *Abacarus hystrix* (Nalepa); e o fitoseídeo *Metaseiulus occidentalis* (Nesbitt). No Brasil, pesquisadores da Embrapa, do Centro de Citricultura “Sylvio Moreira” (IAC) e da Universidade de Brasília vêm trabalhando em cooperação com a Ghent University, Bélgica, e CBGP- INRA, França, para obtenção do genoma do ácaro da leprose dos citros, *Brevipalpus phoenicis* (Geijskes). Este ácaro é uma das espécies mais importantes da família Tenuipalpidae e é vetor de vírus que afetam culturas relevantes para o agronegócio. Entre estes o *Citrus leprosis virus C* (CiLV-C) ocasiona prejuízos drásticos aos pomares no Brasil. Os genomas completos do citros e do CiLV-C foram sequenciados. A integração desses genomas com o de *B. phoenicis* pode contribuir grandemente na busca de alternativas eficientes de manejo da leprose do citros. Essa abordagem que combina genômica de pragas e plantas fornece mecanismos inéditos para o desenvolvimento de estratégias de manejo de ácaros de importância agrícola.

Palavras-chave: leprose dos citros, genômica comparativa, manejo de ácaros.

Financiador: CNPq, FAPESP