



**ESTABILIDADE DE EXPRESSÃO DE GENES CONSTITUTIVOS DE  
*Brevipalpus yothersi* (ACARI; TENUIPALPIDAE) MANTIDOS EM  
DIFERENTES PLANTAS HOSPEDEIRAS**

**L.A. Rogério<sup>1,2</sup>, D.M. Galdeano<sup>2</sup>, L. Montelatto<sup>2</sup>, G.D. Arena<sup>2,3</sup>, M.A. Nunes<sup>2</sup>, M.A. Machado<sup>2</sup> & V.M. Novelli<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>FHO-Uniararas, Araras, SP, Brasil; <sup>2</sup>Instituto Agronômico – Centro de Citricultura Sylvio Moreira, Cordeirópolis, SP, Brasil; <sup>3</sup>UNICAMP, Campinas, SP, Brasil.

Os ácaros do gênero *Brevipalpus* são considerados os mais economicamente importantes dentro da família Tenuipalpidae, principalmente por sua capacidade vetora de doenças em diversas culturas de impacto e plantas ornamentais. A espécie *B. yothersi* é atribuída como a principal vetora do Citrus leprosis virus (CiLV-C) e a mais comum nos pomares brasileiros, sendo altamente cosmopolita e polífaga. A principal espécie de citros afetada pelo CiLV-C é a laranja doce (*C. sinensis* L. Osbeck) e há relatos que este patógeno também é capaz de infectar outras espécies vegetais distintas e inúmeras hospedeiras experimentais. O objetivo deste trabalho foi identificar genes com expressão estável (constitutivos) em ácaros fêmea de *B. yothersi* mantidos em diferentes plantas hospedeiras – laranja e feijoeiro (*Phaseolus vulgaris*). O perfil de expressão de sete genes constitutivos, comumente utilizados como candidatos a genes de referência, foram avaliados por qRT-PCR em populações de ácaros de ambas as plantas hospedeiras. A estabilidade destes genes foi avaliada usando quatro algoritmos (método comparativo  $\Delta C_t$ , *geNorm*, *NormFinder* e *BestKeeper*). Adicionalmente, foi utilizada a ferramenta *RefFinder* para atribuir uma classificação final global para cada gene candidato. Todos os sete genes avaliados foram estabelecidos como possíveis genes de referência, sendo *ribosomal protein L32 (RPL13)*, *RPL32* e *glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPDH)* os mais estáveis nas condições avaliadas. Análises de variação par-a-par revelaram que o uso de dois genes de referência é suficiente para a obtenção de um fator de normalização confiável. Esses resultados são fundamentais para a normalização dos dados de expressão gênica em estudos moleculares e genômicos envolvendo o ácaro da leprose.

Palavras-chave: ácaro da leprose dos citros, expressão gênica, genômica.

Financiamento: INCT-Citros 465440/2014-2, FAPESP 2016/21749-8.