

ANÁLISE DE TRANSCRIPTOMA DE LINHAGENS DE *Phytoseiulus macropilis* (ACARI: PHYTOSEIIDAE) RESISTENTE E SUSCETÍVEL A PIRETROIDES

M.C.V. Queiroz¹, M.A.C. Horta², M.M. Brandão² & M.E. Sato³

¹Bolsista Doutorado FAPESP, Laboratório de Acarologia, Instituto Biológico, Campinas, SP, Brasil; ²Centro de Biologia Molecular e Engenharia Genética (CBMEG), Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP), Campinas, SP, Brasil; ³Bolsista Produtividade em Pesquisa CNPq, Laboratório de Acarologia, Instituto Biológico, Campinas, SP, Brasil.

Detectou-se recentemente uma população de *Phytoseiulus macropilis* altamente resistente (RR > 5.000 vezes) a inseticidas piretroides. Estudos preliminares indicam o envolvimento de mais de um gene (poligênica) na resistência de *P. macropilis* ao piretroide fenpropathrin, com aumento na degradação metabólica por esterases e insensibilidade do alvo de ação (canais de sódio) na linhagem resistente do ácaro predador. O objetivo da pesquisa foi elucidar os mecanismos da resistência do fitoseídeo a piretroides, incluindo a análise de transcriptoma de linhagens S (suscetível) e R (resistente) de *P. macropilis*. Os ácaros predadores das linhagens S e R foram divididos em dois subgrupos: um controle (sem indução de resistência com fenpropathrin) e outro submetido à indução da resistência. Foram formados, portanto, quatro grupos de tratamentos: a) S controle (SC); b) R controle (RC); c) S induzido (SI); d) R induzido (RI). Foram separadas amostras com aproximadamente 450 ácaros. As amostras coletadas foram congeladas em nitrogênio líquido e armazenadas em ultrafreezer a -80 °C. Amostras de RNA dos ácaros foram enviadas ao Laboratório Central de Tecnologias de Alto Desempenho em Ciências da Vida (LaCTAD) (UNICAMP) para a preparação das bibliotecas e o sequenciamento na plataforma HiSeq 2500 (Illumina). A montagem “de novo” do transcriptoma foi realizada usando o CLC Genomics Workbench (versão 6.5.2; Finlandsgade, Dk) com os seguintes parâmetros: similaridade (0,8) e comprimento (0,9). Foram utilizados os dados completos do sequenciamento, incluindo as quatro amostras para obter um genoma de referência. O total de contigs obtido foi de 48.736 ($N_{50} = 1582$). As reads de cada amostra (SC, SI, RC, RI) foram mapeadas no genoma de referência para a comparação dos níveis de expressão. Para a comparação dos tratamentos, utilizou-se o Kal’s Z-test, com dados transformados para log₂. Foram observadas diferenças entre as proporções de expressão para as linhagens R e S de *P. macropilis*, indicando contrastes entre as linhagens estudadas. Os transcritos obtidos foram anotados após serem alinhados com o banco de dados de sequências não redundantes (nr) do NCBI. A identificação dos genes, ou grupos de genes, envolvidos na resistência de *P. macropilis* ao piretroide foi iniciada a partir dos resultados da anotação. Estão em andamento estudos de redes formadas por esses genes, para uma melhor compreensão das interações entre os mesmos e as respostas à exposição ao inseticida-acaricida.

Palavras-chave: ácaro predador, resistência a inseticida, fenpropathrin.

Financiamento: FAPESP, CNPq.