

074

ISOLAMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE GENES DIFERENCIALMENTE EXPRESSOS NA INTERAÇÃO ENTRE MAÇÃS CV. FUJI E BOTRYOSPHERIA DOTHIDEA. Lígia Loss Schwarz, Adriana Regina Corrent, Cândida Raquel Scherrer Montero, Marcelo Gravina de Moraes, Renar João Bender (orient.) (UFRGS).

No Brasil, a maçã é a fruta de clima temperado de maior importância comercial. Cerca de 80% do volume produzido é destinado ao consumo "in natura", gerando a necessidade de armazenamento de grande parte da produção. Mesmo sob armazenamento refrigerado a maturação avança e as maçãs tornam-se mais suscetíveis à ocorrência de podridões, entre as quais a podridão branca, cujo agente causal é a *Botryosphaeria dothidea*. A infecção das maçãs pode ocorrer no início do ciclo vegetativo e permanecer latente até o início da maturação sendo que temperaturas de refrigeração não inibem o desenvolvimento da doença. Os objetivos deste trabalho foram estudar o processo de infecção do fungo *B. dothidea*, as respostas de maçãs da cv. Fuji a este patógeno e identificar os genes regulados durante a infecção. Para isto utilizou-se a técnica de Differential Display RT-PCR. As maçãs foram desinfetadas em solução hipoclorito de sódio a 1, 0% por 30 segundos e em seguida inoculadas com uma suspensão de 10^6 conídios/mL de *B. dothidea*. Após a inoculação, as maçãs foram incubadas em câmara de crescimento a 26°C. Amostras de tecido de maçãs inoculadas e não inoculadas foram coletadas logo após a inoculação e após 3, 12, 18, 48 e 72 horas e armazenadas a -80°C. O isolamento e purificação de RNA total foi feito com o kit Concert™ Plant RNA. A síntese dos cDNAs foi feita pela transcrição reversa do mRNA através da enzima Transcriptase Reversa e a amplificação do cDNA foi feita por PCR sendo a separação e a visualização dos produtos de PCR feito por eletroforese em gel de poliacrilamida 6%. Em seguida os fragmentos diferencialmente expressos foram recuperados, e reamplificados por PCR, para posterior purificação e seqüenciamento. Os resultados finais do trabalho somente serão possíveis após o seqüenciamento destes fragmentos e a posterior comparação destas seqüências com as seqüências disponíveis no banco de dados do NCBI-GenBank. (PIBIC).