

**GENÔMICA FUNCIONAL DO ARROZ: EXPRESSÃO DIFERENCIAL DE GENES ENVOLVIDOS NA DEFESA CONTRA PATÓGENOS.** Marcos V. de Souza, Marcelo G. de Moraes (Laboratório de Fitopatologia Molecular, Departamento de Fitossanidade, Faculdade de Agronomia, UFRGS).

O projeto de seqüenciamento do genoma do arroz tem revelado a existência de diversos genes potencialmente envolvidos na resistência a patógenos. No entanto, pouco se conhece a respeito da função dos mesmos durante o mecanismo de resistência. O presente trabalho busca a caracterização de genes de arroz envolvidos na Resistência Sistêmica Adquirida (SAR), com vistas a resistência à brusone, a principal doença do arroz. Para tanto, foram isolados cDNAs, produzidos a partir de mRNAs acumulados diferencialmente em plantas de arroz tratadas com indutores químicos da SAR, pela técnica de DDRT-PCR. Pelo método de isolamento *in silico*, foram obtidos 15 genes já seqüenciados. Destes, os genes OsPR1a e OsPR1b estão em fase de avaliação pela técnica da RT-PCR. Para a realização desta análise foram utilizadas 4 cultivares de arroz com diferentes respostas à brusone. OsPR1a não diferiu quanto sua expressão entre as 4 cultivares ou mesmo entre os tratamentos dentro de uma mesma cultivar. Um banco de cDNAs está sendo gerado com os isolados *in silico* e por DDRT-PCR. A expressão dos cDNAs e genes do banco será analisada através da técnica de “macroarray”, que desta maneira, poderá caracterizá-los quanto ao envolvimento na defesa contra patógenos. Genes e cDNAs que confirmam aumento da resistência poderão servir no futuro, como marcadores moleculares usados na seleção assistida de linhagens de arroz resistentes bem como na produção de plantas geneticamente modificadas visando a obtenção de arroz com resistência mais duradoura à brusone. (CNPq/PIBIC, Fapergs/IRGA).