



B154

SEQÜENCIAMENTO DE DNA GENÔMICO DE *CRINIPELLIS PERNICIOSA*

Camila Ramos dos Santos (Bolsista ITI/CNPq), Sulamita de Freitas Franco (Bolsista IC/CNPq), Vitor Hugo de Almeida e Silva (FUNCAMP), Carolina Cotomacci (Bolsista Mestrado/CAPES) e Prof. Dr. Gonçalo Amarante Guimarães Pereira (Orientador), Instituto de Biologia – IB, UNICAMP

Crinipellis pernicioso (Stahel) Singer pertence à família Tricholomataceae, a maior da Ordem Agaricales do Filo Basidiomycota. Esse fungo pode atacar diferentes hospedeiros especificamente, existindo por isso os biotipos: biotipo-C (cacau – *Theobroma cacao*), biotipo-S (Solanaceae), biotipo-B (Bixaceae) e biotipo-L (liana). Sua importância está no fato dele ser o causador da vassoura-de-bruxa, doença que ataca o cacau e provocou queda considerável na produção de cacau na Bahia, a principal região produtora. O projeto genoma visa obter a seqüência completa do DNA para tirar dela informações biológicas, como possíveis genes e as proteínas por eles codificadas, que possam ser úteis no combate ao fungo. Para isso é necessário extrair DNA fúngico; obter fragmentos de 1 a 2 kb através de sonicação; ligar em plasmídeo pUC18 através de T4 ligase; transformar bactérias competentes por eletroporação; obter clones através do crescimento das bactérias transformadas em meio de cultura; purificar o DNA plasmidial e fazer reação para seqüenciar em Seqüenciador Automático 377, através de eletroforese em gel de poliacrilamida. Os resultados obtidos são gráficos que, submetidos a análises por ferramentas de bioinformática, são codificados para seqüência de nucleotídeos.

Cacau - *Crinipellis pernicioso* - Vassoura-de-bruxa