



B156

**DATA MINING DE SEQÜÊNCIAS DE DNA GENÔMICO DE *CRINIPELLIS PERNICIOSA***

Paola Fernanda Guidi (Bolsista CNPq) e Prof. Dr. Gonçalo Amarante Guimarães Pereira (Orientador), Instituto de Biologia - IB, UNICAMP

O basidiomiceto *Crinipellis pernicioso* (Stahel) Singer é o agente causal da vassoura-de-bruxa, doença responsável por enfraquecimento geral do cacauzeiro (*Theobroma cacao*) e conseqüente queda da produção de cacau. O presente trabalho, através da análise computacional de seqüências obtidas do genoma deste patógeno, investigou a presença de genes correlacionados, que constituíssem as bases para vias de biossíntese de fito-hormônios e regulação fisiológica por relógio biológico. Os tecidos infectados do cacauzeiro apresentam crescimento tumoral, provavelmente como conseqüência de um desequilíbrio hormonal provocado pelo fungo. Fenômenos de *mating type*, alteração cariotípica, assim como atividades de caráter patogênico apresentam características fortemente relacionadas a esta interação hormonal entre *Crinipellis* e *Theobroma*. Genes que codificam para proteínas induzíveis por etileno e auxina são indícios de que as respostas da planta diante à infecção promovam a ativação dos genes relacionados à síntese de giberelinas, ácido abscísico, citocininas e o próprio etileno. A esporulação de *Crinipellis*, essencial no seu ciclo de vida, pode apresentar homologia com a de *Neurospora crassa*, onde observa-se a regulação por "clock genes" (também encontrados na base de dados deste genoma) O presente trabalho prossegue com o estudo da expressão de tais genes através de microarrays.

Vassoura-de-Bruxa – Data Mining – Fito-Hormônios