



B0341

DATA MINING E ANÁLISE DE EXPRESSÃO IN VIVO DE FAMÍLIAS DE GENES PREDITOS DE MONILIOPTHORA PERNICIOSA

Tais Sineiro Herig (Bolsista FAPESP), Jorge Maurício Costa Mondego, Marcelo Falsarella Carazzolle e Prof. Dr. Gonçalo Amarante Guimarães Pereira (Orientador), Instituto de Biologia - IB, UNICAMP

O agente etiológico da doença vassoura-de-bruxa do cacau é o fungo *Moniliophthora perniciosa*. Devido às perdas na produção de cacau com o aparecimento dessa doença, o projeto genoma de *M. perniciosa* foi lançado a fim de viabilizar possíveis obtenções de métodos para conter a vassoura-de-bruxa. *M. perniciosa* é um fungo hemibiotrófico, pois apresenta dois estágios distintos em seu ciclo de vida – biotrófico e necrotrófico. Este fungo está classificado filogeneticamente no grupo dos basidiomicetos ao lado de *Moniliophthora roreri*, fitopatógeno causador da monilíase do cacau. A identificação de genes ainda não descritos que possam estar relacionados com a patogenicidade e/ou desenvolvimento de *M. perniciosa* passou a ser uma das direções do projeto. Através de programas específicos de predição gênica foram obtidas famílias gênicas cujos membros ainda não tem função definida. Uma dessas famílias possui genes preditos com similaridade a proteínas hipotéticas de basidiomicetos, enquanto uma outra apresenta genes sem similaridade a *M. roreri*. A partir de análises de bioinformática – cura e anotação – e de Real-time PCR buscamos verificar a expressão gênica de membros dessas duas famílias. Dados preliminares indicam que genes de ambas as famílias são expressos especificamente em basidiomas.

Moniliophthora perniciosa - Bioinformática - Real-time PCR