

Construção HIGS RNAi-Chs3b em *Arabidopsis thaliana* visando resistência a *Fusarium graminearum*

Natalia Balbinott¹, Eduardo André Roesler², Elene Yamazaki Lau³, Maria Imaculada Pontes Moreira Lima⁴, Ana Lúcia Variani Bonato⁴, Casiane Saete Tibola⁴, José Maurício Cunha Fernandes⁴

¹ Graduanda em Ciências Biológicas, Universidade de Passo Fundo, RS, bolsista do CNPq/Pibic na Embrapa Trigo. ²Doutorando em Agronomia, Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo, RS. ³ Pesquisadora da Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS, orientadora. ⁴ Pesquisador da Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS.

Resumo - A giberela do trigo, causada pelo fungo produtor de micotoxina *Fusarium graminearum*, é uma doença economicamente importante que afeta lavouras do mundo todo. Neste trabalho avaliamos um sistema baseado em *Arabidopsis thaliana* para inferir a potencialidade de identificar sequências gênicas capazes de induzir resistência a *F. graminearum* via silenciamento gênico induzido pelo hospedeiro (HIGS), tendo como alvo o gene codificante para a quitina sintase Chs3b de *F. graminearum*. Ensaio com folhas destacadas de plantas geneticamente modificadas (GM) contendo a construção HIGS (RNAi-Chs3b) revelaram que a presença da construção não impediu a infecção, o crescimento e o desenvolvimento do fungo e não indicaram diferença entre folhas GM e controle quanto ao período de incubação. Folhas GM contendo o vetor vazio apresentaram maior severidade de sintomas quando comparadas às folhas GM contendo a construção RNAi-Ch3b e não-GM. Folhas contendo a construção HIGS apresentaram menor crescimento de micélio aéreo com relação aos controles. As análises microscópicas corroboraram os resultados visualizados macroscopicamente e indicaram presença mais expressiva de esporodóquios em folhas controle quando comparadas às folhas contendo a construção para HIGS. Os resultados sugerem que a presença da construção RNAi-Chs3b influencia negativamente a produção de micélios e macroconídios, reiterando os resultados obtidos em estudos anteriores com as sequências utilizadas. Entretanto, análises da expressão gênica, quantificação de macroconídios nas folhas inoculadas e análises microscópicas mais aprofundadas de mais eventos são necessários para melhor avaliar o potencial de *A. thaliana* como modelo para identificação de genes promissores para HIGS de *F. graminearum*.

Termos para indexação: silenciamento gênico induzido pelo hospedeiro, RNAi, quitina sintase.