

PROSPECÇÃO DE GENES RELACIONADOS À INTERAÇÃO DE *Magnaporthe oryzae* COM TRIGO

**Caroline Turchetto¹; Hebert Hernán Soto Gonzáles¹; Jéssica Rosset Ferreira²;
Gisele Abigail Montan Torres^{3*}; Luciano Consoli³; Antonio Nhani Júnior³; Eliseu Binneck⁴**

¹Pós Doutorado PNPQ-CNPQ-Embrapa Trigo. ²Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Agronomia - UPF, Bolsista Capes. ³Pesquisador(a) da Embrapa Trigo, *orientadora. ⁴Pesquisador da Embrapa Soja.

A economia mundial enfrenta insegurança alimentar, e a demanda por aumento da produção agrícola nunca foi tão grande. Juntamente com o arroz e o milho, o trigo é uma proporção substancial das calorias ingeridas pela população humana, quer diretamente ou através de alimentos para o gado e outras espécies de animais. Doenças, em geral, apresentam sérios entraves à produção de trigo. *Magnaporthe oryzae* foi identificado, nos anos 1980 no Brasil, como agente causal de uma nova e restritiva doença em espigas de trigo, a brusone. Atualmente, a doença já foi relatada em países da América do Sul (Bolívia, Paraguai e Argentina). Poucas cultivares de trigo são conhecidas como sendo resistentes ao patógeno. O conhecimento dos genes expressos em um genoma, bem como seus níveis de expressão em determinada condição, fornecem informações importantes sobre diferentes processos celulares, auxiliando na elucidação da função destes genes e possíveis envolvimento em mecanismos de defesa contra o patógeno. O objetivo do trabalho foi encontrar genes que sejam diferencialmente expressos entre as condições controle e inoculada com *M. oryzae* em um genótipo de trigo previamente identificado como candidato-resistente. Para isso foi utilizada a técnica de Biblioteca Subtrativa Supressiva pela qual foram obtidas 420 sequências diferencialmente expressas. A biblioteca foi validada por meio de experimentos de RT-PCR quantitativa, pelo qual foi possível confirmar as diferenças de expressão. Interessantemente, 30% desses genes estão relacionados com respostas a estímulos bióticos e com a regulação de importantes processos biológicos celulares. O estudo dos produtos proteicos desses genes poderá contribuir para a compreensão dos mecanismos moleculares de defesa desenvolvidos por este genótipo contra o fungo causador da brusone.

Palavras-chave: brusone, genes-candidatos, *Triticum aestivum*.

Apoio: Embrapa Trigo / CNPq / Capes