

## EXPRESSÃO DE GENES EM RAMOS DE CAFÉ DEPAUPERADO COM A PRESENÇA DE *Xylella fastidiosa*

Angela MEHTA<sup>1</sup>, Angélica C. de OLIVEIRA<sup>2</sup>, Mirian T. S. EIRA<sup>3</sup>, Rui P. LEITE JR.<sup>4</sup>, Alan C. CARVALHO<sup>1</sup>, Felipe R. SILVA<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Parque Estação Biológica W5 Norte Final, CEP 70770-900, Brasília, DF e-mail:amehta@cenargen.embrapa.br <sup>2</sup> UNICEUB, SEPN 707/909 –Asa Norte, Brasília, DF <sup>3</sup> Embrapa Café, Brasília, DF <sup>4</sup> IAPAR - Instituto Agrônômico do Paraná, Caixa Postal 481, CEP 86001-970, Londrina, PR

A cultura do café possui grande importância econômica para o Brasil por constituir um dos principais produtos de exportação do país. Os principais problemas relacionados à cultura do café são a ocorrência de estresses bióticos causados por pragas e doenças e estresses ambientais (hídrico, nutricional, etc). Recentemente, foi reportado o depauperamento de plantas de café causado por *Xylella fastidiosa*. Essa doença vem atingindo todas as regiões produtoras de café no país, causando perdas econômicas apreciáveis, principalmente para o estado de Minas Gerais que é um dos principais produtores desta cultura. O mecanismo de patogenicidade de *Xylella fastidiosa* ainda não é bem compreendido. A bactéria coloniza os vasos do xilema formando agregados que bloqueiam a passagem de água e nutrientes. Acredita-se que polissacarídeos e enzimas extracelulares tenham um papel importante na colonização dos vasos do xilema. Entretanto, os mecanismos de interação planta-patógeno não são conhecidos. Em 2001 foi iniciado um projeto para o sequenciamento de 200.000 ESTs de café em diferentes situações biológicas. O objetivo principal deste projeto é identificar genes que possam ser utilizados em programas de melhoramento da qualidade e competitividade do café. O presente trabalho teve por objetivo identificar genes expressos em plantas de café depauperadas com a presença de *Xylella fastidiosa*. Ramos de plantas de café apresentando os sintomas típicos relacionados a *Xylella fastidiosa*, como internódios curtos, presença de folhas pequenas em tufos, foram coletados. Uma análise preliminar em microscópio foi realizada para verificar a presença da bactéria nos feixes do xilema. Posteriormente, a presença de *X. fastidiosa* foi confirmada através de PCR utilizando DNA dos ramos e primers específicos para a bactéria. Uma biblioteca de cDNA foi construída a partir deste material vegetal e os resultados preliminares obtidos serão apresentados. Tentativas foram também realizadas para infiltrar a bactéria em radículas de café, uma vez que esta bactéria também já foi isolada de raízes de plantas depauperadas. A presença da bactéria nas radículas foi confirmada através de PCR com primers específicos 10 e 20 dias após a infiltração. Pretende-se analisar a expressão diferencial de radículas infiltradas e sadias na tentativa de se isolar genes relacionados a resposta da planta à presença de *X. fastidiosa*. Espera-se, com este projeto, que genes relacionados à interação de plantas de café com *Xylella fastidiosa* sejam identificados de maneira a contribuir em programas de melhoramento.

**Palavras-chave:** *Xylella fastidiosa*, biblioteca genômica, detecção