



## **Identificação e análise da expressão de genes relacionados com o mal-do-Panamá em bananeira, por meio de PCR em Tempo Real**

*Karina Vieira Chiacchio Velame<sup>1</sup>, Carlos Augusto Dória Bragança<sup>2</sup>, Kátia Nogueira Pestana<sup>2</sup>, Rogério Mercês Ferreira Santos<sup>1</sup>, Cláudia Fortes Ferreira<sup>3</sup>, Fernando Haddad<sup>3</sup>, Edson Perito Amorim<sup>3</sup>.*

*<sup>1</sup> Universidade Estadual de Feira de Santana, <sup>2</sup> Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, <sup>3</sup> Embrapa Mandioca e Fruticultura,*

*e-mail. edson.amorim@embrapa.br*

A banana é a fruta mais consumida no mundo. No Brasil é cultivada em todo país, destacando-se como cultura de maior expressão econômica. Dentre as doenças que ocorrem o ‘mal-do-Panamá’, causado pelo fungo *Fusarium oxysporum* f.sp. *cubense* (Foc), altamente destrutivo limitando a produção. A medida mais efetiva de controle é o uso de variedades resistentes. Algumas cultivares tetraploides foram lançadas pelo programa de melhoramento da Embrapa Mandioca e Fruticultura e apresentam resistência ao Foc. Estas cultivares, tipos ‘Prata’ e ‘Maçã’ possuem características agrônômicas similares a ‘Prata-Anã’. Nesse sentido objetivou-se, a validação de genes candidatos via RT-qPCR relacionados com a resistência a Foc que serão utilizados como ferramentas futuras para o controle genético do ‘mal-do-Panamá’ via transformação genética. Foram avaliadas as expressões relativas de 16 genes selecionados de acordo com categorias funcionais baseadas em estudos preliminares da análise global de transcriptoma da interação planta-patógeno que identificou genes diferencialmente expressos na variedade ‘BRS Platina’, híbrido desenvolvido pela Embrapa e resistente a Foc, quando comparada com as variedades ‘Maçã’ (suscetível) e ‘Prata-Anã’ (moderadamente suscetível) em resposta à infecção pelo Foc raça 1. As condições encontradas foram testadas baseando-se no coeficiente de correlação ( $R^2$ ) e na eficiência da curva padrão, construída a partir de diluições seriadas do pool de cDNA. Assim quatro genes apresentaram valores significativos de eficiência próximo 100%.

**Palavras-chave:** RT-qPCR, Validação genes Referência, Banana, mal-do-Panamá.