

316

ESTUDO MOLECULAR DOS GENES DE DEFESA CODIFICADORES DE PROTEÍNAS BETV 1 HOMÓLOGAS EM ESPÉCIES BRASILEIRAS DE *Passiflora*. Carolina Giacomet, Carla Finkler, Valéria Muschner, Luciane M.P. Passaglia, Francisco M. Salzano e Loreta B. de Freitas. (Departamento de Genética, Instituto de Biociências, UFRGS.)

A família de proteínas Betv 1 homólogas consiste de uma família de proteínas pequenas, intracelulares, relacionadas à defesa. Tais proteínas são codificadas por uma família multigênica, cuja filogenia indica a monofilia do grupo sendo altamente congruente com resultados de morfologia. Os objetivos do presente estudo são caracterizar os genes codificadores das proteínas Betv 1 homólogas em espécies brasileiras de *Passiflora* e comparar a filogenia obtida para estes genes com as obtidas com outros marcadores. Para isto, o DNA de 30 espécies de *Passiflora* foi extraído e amplificado pela reação em cadeia da polimerase (PCR), utilizando primers específicos para genes Betv 1. Inicialmente foram obtidas oito seqüências em cinco espécies a partir do seqüenciamento direto dos produtos de PCR, as quais mostraram-se homólogas às seqüências já descritas na literatura. Numa tentativa de caracterizar toda a região codificadora, um dos produtos de PCR está servindo como sonda para a identificação de clones obtidos com as demais espécies de *Passiflora* analisadas. A clonagem dos fragmentos contendo parte da região homóloga ao gene *betv 1* está sendo feita em plasmídeos puc18 e, até o momento, já foram obtidos plasmídeos recombinantes contendo fragmentos clonados de duas espécies. Esses plasmídeos foram clivados com *EcoRI* e *HindIII* para confirmar a clonagem do fragmento e posteriormente hibridizados com o fragmento utilizado como sonda anteriormente. Três recombinantes foram selecionados para seqüenciamento. As seqüências obtidas serão comparadas às seqüências já descritas para o gene *betv 1* e os fragmentos clonados serão utilizados em experimentos de hibridização, a fim de isolar o gene *betv 1* completo no DNA das espécies analisadas. Subvenção: PRONEX-FINEP, FINEP, CNPq, FAPERGS, PROPESQ-UFRGS