

**CBFV** 2009

XII Congresso Brasileiro de Fisiologia Vegetal  
"Desafios para produção de alimentos e bioenergia"  
7 a 12 de setembro de 2009 - Fortaleza - CE



PROMOÇÃO:



## **Construção de biblioteca *full length* de soja inoculada com o fungo *Phakopsora pachyrhizi***

Aguida M. A. P. Morales<sup>1</sup>, Alan A. Pereira<sup>1</sup>, Aline Y. Murakami<sup>1</sup>, Laiany K.V. Rocha<sup>1</sup>, Renata Stolf<sup>3</sup>, Joice F. Barbosa<sup>3</sup>, Ricardo V. Abdelnoor<sup>3</sup>, Francismar C. Marcelino<sup>3</sup>, Aluizio Borem<sup>2</sup>, Marcelo E. Loureiro<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Fisiologia Vegetal/UFV, CEP 36570-000, Viçosa, MG, fone (31) 38992051, e-mail: aguida.morales@ufv.br; <sup>2</sup>Departamento de Fitotecnia/UFV; <sup>3</sup>Embrapa Soja, Londrina-PR, Brasil

O presente trabalho teve como objetivo a construção de uma biblioteca de cDNA *full length* de plantas de soja inoculadas com o fungo *Phakopsora pachyrhizi*. O genótipo BRS231 (resistência quantitativa à ferrugem) utilizado neste experimento foi disponibilizado pelo Banco Ativo de Germoplasma de soja (BAG) da Embrapa Soja. O experimento foi feito com um delineamento em blocos ao acaso com três réplicas como blocos e com uma estrutura de tratamentos em fatorial com três fatores de tratamento. Os três fatores foram tempo (12, 24, 48, 72, 96, e 196 horas), genótipo (com resistência quantitativa), e tipo de infecção (inoculado e inoculado com água - MOCK). O tratamento foi conduzido em câmara de crescimento, sob uma temperatura diurna de 25 a 28°C e uma temperatura noturna de 20 a 22° C, 90% de umidade relativa  $\pm$  2% e 12 h de luz. Após a inoculação, as plantas permaneceram cobertas com sacos plásticos borrifados com água por 12 dias. O segundo trifólio das plantas inoculadas e MOCK foram coletados após 12, 24, 48, 72, 96, 196 h após a inoculação e 0,1g de tecido foi utilizado para a extração de RNA total. Depois de isolado, 2 $\mu$ g mRNA foi utilizado para a síntese da primeira fita. A construção da biblioteca *full length* foi feita pela técnica denominada *Cap trapper* utilizando o reagente trehalose. A eficiência da síntese da dupla fita foi verificada pela amplificação de genes completos a partir de oligos específicos desenhados em sequências de genes completos disposto no banco de dados do phytozome <www.phytozome.net>. Após o término da dupla fita, a biblioteca foi amplificada com oligos específicos para posterior sequenciamento pela técnica de pirosequenciamento. Estes resultados permitirão a formação de uma biblioteca de genes



completos que será o ponto de partida para um grande número de estudos do genoma funcional.

**Palavras-chave:** soja, *full length*, ferrugem asiática,

**Órgão financiador:** CNPq (Projeto GenoSoja 552735/2007-8)