

MEL-014

Análise da expressão de genes relacionados a estresses em soja em resposta ao fungo *Phakopsora pachyrhizi*. Brito Júnior SL, Marcelino FC, Polizel AL, Stolf R, Binneck E, Nepomuceno AL, Borém A, Abdelnoor RV. Biotecnologia Vegetal, Embrapa-Soja, Londrina, PR, Brasil. E-mail: salvadorgen@gmail.com. Expression analysis of stress-related genes in soybean in response to *Phakopsora pachyrhizi*.

Com o objetivo de avançar o conhecimento sobre o mecanismo molecular de defesa da soja frente à ferrugem asiática, avaliou-se por meio da técnica de PCR em tempo real, a expressão de genes supostamente envolvidos no mecanismo de defesa da planta. O experimento foi conduzido em sala climatizada e para a análise de expressão gênica, foram coletadas amostras de RNAs de folhas da soja inoculadas com o patógeno e falso-inoculadas (água), em um genótipo tolerante (PI 230970) e um genótipo suscetível (Embrapa 48) a *Phakopsora pachyrhizi*. Foram observadas expressões diferenciais de genes relacionados a espécies reativas de oxigênio, produção de fitoalexinas bem como genes envolvidos na liberação de elicitores. Dentre os genes avaliados, destacou-se um que codifica para quitinase, que apresentou uma expressão 117 vezes maior no genótipo tolerante (PI 230970), quando comparado ao falso-inoculado, enquanto que no genótipo suscetível (Embrapa 48) a expressão deste gene foi 1,75 vezes maior que o seu calibrador (Embrapa 48 falso-inoculado). Esse gene é promissor para análises futuras, a fim de se caracterizar a rota metabólica em que esteja envolvido, e cujo entendimento pode contribuir para desenvolvimento de novas estratégias de resistência a ferrugem asiática. Apoio Financeiro: FINEP, Embrapa, CNPq.