

Oral / Poster**723-1 Efeito da inoculação da estirpe CPAC 15 de Bradyrhizobium japonicum na expressão gênica de raízes de soja**

Autores: Gesiele Almeida Barros de Carvalho (EMBRAPA SOJA - Embrapa SojaUEL - Universidade Estadual de Londrina) ; Jesiane Stefania da Silva Batista (EMBRAPA SOJA - Embrapa Soja) ; Francismar Corrêa Marcelino (EMBRAPA SOJA - Embrapa Soja) ; Mariangela Hungria (EMBRAPA SOJA - Embrapa Soja)

Resumo

A estirpe CPAC 15 (=SEMIA 5079) de Bradyrhizobium japonicum é utilizada em inoculantes comerciais para a cultura da soja (Glycine max (L.) Merrill) no Brasil, devido à capacidade de fornecer todo o nitrogênio necessário para atingir altos rendimentos de grãos pelo processo de fixação biológica do nitrogênio, dispensando o uso de fertilizantes nitrogenados e resultando em uma grande economia de divisas para o País e de custos para o agricultor. Devido à importância da simbiose da soja com a CPAC 15, este trabalho objetivou analisar o efeito da inoculação com essa estirpe na expressão gênica das raízes de soja. Sementes de soja foram desinfestadas e germinadas por três dias, enquanto as bactérias foram cultivadas em meio de cultura para rizóbios até a fase exponencial de crescimento. Radículas de soja foram então inoculadas com 1 mL planta⁻¹ de culturas contendo 107 UFC mL⁻¹. O experimento foi conduzido em um delineamento experimental inteiramente casualizado, com três repetições inoculadas e três não inoculadas, cada uma com 20 plantas. As plantas foram cultivadas em condições controladas de casa de vegetação e, dez dias após a inoculação, as raízes foram coletadas. Procedeu-se à extração do RNA das raízes, ao isolamento do mRNA e à construção da biblioteca de cDNA através da técnica de hibridização subtrativa supressiva, onde apenas os genes expressos nas plantas pelo efeito da inoculação foram exponencialmente amplificados. Tais genes foram sequenciados através da tecnologia Illumina e, com o uso de ferramentas de bioinformática realizou-se a montagem e análise das sequências obtidas. A biblioteca resultou em 3.776 genes diferencialmente expressos. As sequências foram agrupadas de acordo com a função biológica (Gene Ontology, GO), sendo identificados genes nas seguintes categorias: processos biossintéticos; processos catabólicos; ciclo celular; processo metabólico de hormônio; localização; metabolismo de compostos nitrogenados; organização de componentes celulares; óxido-redução; regulação de processos biológicos; resposta à estímulos; resposta à estresse; metabolismo secundário e sinalização. Uma análise dos genes de cada categoria foi realizada, com a identificação de diversos genes relacionados pela primeira vez à simbiose.