

TRANSCRIPTOMA PARA SECA REVELA NOVOS GENES PARA O GERMOPLASMA DO FEIJÃO COMUM MESOAMERICANO

Wendell Jacinto Pereira¹; Fernanda Raquel Martins Abreu²; Arthur Tavares de Oliveira Melo²; Alexandre Siqueira Guedes Coelho²; Fabiana Aparecida Rodrigues³; Suján Mamidi⁴; Sérgio Amorim de Alencar⁵; Anna Cristina Lanna⁶; Paula Arielle Mendes Ribeiro Valdisser⁶; Claudio Brondani⁶; Ivanildo Ramalho do Nascimento-Júnior⁷; Tereza Cristina de Oliveira Borba⁶; Rosana Pereira Vianello⁶*

¹Universidade de Brasília, Brasília, DF. ²Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO. ³EMBRAPA Soja, Londrina, PR. ⁴Genome Sequencing Center, HudsonAlpha Institute for Biotechnology, Huntsville, AL, United States. ⁵Universidade Católica de Brasília, Brasília, DF. ⁶EMBRAPA Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO. ⁷Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, SP. *E-mail para correspondência: rosana.vianello@embrapa.br.

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é um importante gênero alimentar cujo cultivo está intimamente associado à segurança alimentar global. Episódios de seca são fatores de alto risco para a produção do feijoeiro comum. Este estudo foi realizado com o objetivo de promover uma ampla caracterização de genes do feijoeiro comum relacionados à seca. Para tal, dois genótipos de feijão, BAT 477 (tolerante à seca) e Pérola (susceptível à seca), foram usados. O perfil de expressão de transcritos em folhas e raízes destes dois genótipos contrastantes foi obtido por meio do sequenciamento de RNA (RNA-seq) e múltiplas fontes bioinformáticas. No total, 54.750 transcritos foram identificados, representativos de 28.590 genes, dos quais 1.618 foram descritos pela primeira vez para o feijão comum e 1.242 foram genes diferencialmente expressos (DEG). Destes, 458 genes apresentaram expressão diferenciada no genótipo tolerante (191 *up* e 267 *down-regulated*) com predominância de genes em categorias de estresse oxidativo, respostas a estímulos, atividade quinase, entre outras que poderiam ser utilizados na implementação de estratégias de melhoramento. Por meio da PCR quantitativa em tempo real (qPCR), 88,64% dos DEG avaliados foram validados para expressão diferencial. Um total de 151.283 variantes com alta qualidade foram identificados entre os genes expressos, dos quais 135.167 SNPs e 16.116 Indels. A partir de 183.033 SNP identificados, 49,67% foram anotados como tipo modificador, enquanto os restantes 50,33% foram classificados como impactos baixo (29,21%), alto (1,91%) e moderado (19,21%). De uma forma geral, neste estudo, novos genes foram revelados para a tolerância à seca, e um mapa de transcriptoma de *P. vulgaris* de origem mesoamericana foi construído com 1.618 novos *loci* e 23.112 novas isoformas. A crescente disponibilidade de informações genéticas suporta uma melhor compreensão dos mecanismos de tolerância à seca do feijoeiro, contribuindo para o progresso da pesquisa.

Palavras-chave: RNA-seq; SNP; tolerância à seca.

Agradecimentos: CNPq, CAPES e EMBRAPA pelo apoio financeiro.