

## Análise em Feijoeiro Comum da Expressão Diferencial de Genes Relacionados à Tolerância à Seca

Wendell Jacinto Pereira<sup>1</sup>, Paula Arielle Mendes Ribeiro Valdisser<sup>2</sup>, Rosana Pereira Vianello<sup>3</sup>

A análise do transcriptoma possibilita o estudo simultâneo da expressão e da regulação de genes em diferentes processos biológicos. Para o feijoeiro comum, um grande volume de informação de genes sob condições de déficit hídrico encontra-se disponível, com ênfase no desenvolvimento de ferramentas genômicas úteis para o melhoramento genético e avanço científico. Esse estudo teve como objetivo avaliar o nível de expressão 19 genes, relacionados com tolerância à seca, previamente identificados via sequenciamento de transcriptoma utilizando tecnologia de RNA-seq em plataforma Illumina. Os genes foram selecionados com base em perfis diferenciais e de maior expressão no genótipo tolerante (BAT477) quando comparado ao suscetível (Pérola), avaliados em experimento de seca. A validação da expressão gênica foi realizada utilizando a técnica de qPCR e um delineamento experimental representado por 12 amostras de cDNA de tecido foliar e radicular, incluindo os genótipos tolerante e suscetível, irrigação normal (controle) e tratamento de deficiência hídrica intermediário (T75) e extremo (T150). Os valores de Cq foram analisados via DataAssist™ e os valores de Rq com o software Statistica v. 7.0. A partir dos 19 genes avaliados, 17 (89%) apresentaram perfil de expressão corroborando a análise *in silico* sob condições de seca no genótipo tolerante. Desses genes, 12 foram identificados no tecido foliar e cinco no radicular. Quatro genes em tecido foliar e dois em tecido radicular relacionados a processos oxidativos e de síntese de celulose exibiram nível de expressão elevada no genótipo tolerante, em ambas as condições de déficit hídrico. Adicionalmente, um gene expresso em folhas e três em raiz, associados com processos de oxirredução, foram mais expressos em condições tratamento hídrico extremo (T150). No tecido foliar, sob tratamento T75, foram observados maiores níveis de expressão para sete genes relacionados com a resposta a hipersensibilidade induzida por estresse, e vias de transdução de sinais. A partir dessas informações o estudo desses genes pode ser aprofundado com ênfase na análise detalhada da expressão em amostragens ampliadas utilizando genótipos geneticamente divergentes do banco de germoplasma, consolidando o uso dessa estratégia de pesquisa como auxiliar ao desenvolvimento de novos genótipos de feijoeiro comum mais adaptados às condições de seca.

<sup>1</sup> Estudante de mestrado em Biologia da Universidade Federal de Goiás, Estagiário na Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, wendell.j.p@hotmail.com

<sup>2</sup> Farmacêutica, Especialista em Biotecnologia. Analista B da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, Paula.valdisser@embrapa.br

<sup>3</sup> Bióloga, Ph.D. em Genética Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, rosana.vianello@embrapa.br