

## Análise ampla do genoma funcional de feijoeiro em condições de deficiência hídrica

Wendell Jacinto Pereira<sup>1</sup>, Arthur Tavares de Oliveira Melo<sup>2</sup>, Paula Arielle Mendes Ribeiro Valdisser<sup>3</sup>, Claudio Brondani<sup>4</sup>, Alexandre Siqueira Guedes Coelho<sup>5</sup>, Rosana Pereira Vianello<sup>6</sup>

A análise do transcriptoma derivado de diferentes genótipos de feijoeiro submetido a condições variadas de deficiência hídrica possibilita gerar um enorme patrimônio genômico para as mais diferentes áreas de pesquisa. O sequenciamento do genoma expresso fornece informações sobre a identidade dos genes que constitui uma etapa inicial e fundamental para avançar no conhecimento sobre o funcionamento dos mesmos, suas interações e seus produtos. Diante disso, a determinação da identidade e quantidade de mRNA de um organismo em condições ambientais adversas possibilita determinar a identidade dos genes que estão ligados e a intensidade em que são expressos. Esse estudo teve como objetivo desenvolver e sequenciar bibliotecas de cDNA a partir de diferentes tecidos e genótipos de feijão e analisar em resposta aos tratamentos específicos os níveis diferenciais de expressão gênica. Foram avaliados os genótipos fenotipicamente divergentes BAT477, caracterizado como tolerante à seca, e Pérola, como suscetível. A avaliação do transcriptoma foi conduzida em diferentes tecidos, raiz e folha, e diferentes períodos de exposição à deficiência hídrica, sob condição normal de disponibilidade hídrica (T0) e após 75min (T75) e 150min (T150) do início da restrição hídrica completa. Foram desenvolvidas e sequenciadas via tecnologia de sequenciamento de segunda geração 12 bibliotecas de cDNA. As análises foram conduzidas utilizando o programa Trinity vinculado ao "R", através do pacote edgeR (Bioconductor), sendo considerados genes diferencialmente expressos (GDE) aqueles que apresentaram diferenças no nível de expressão  $\geq 4$ . A identificação dos GDEs foi realizada pelos termos do Gene Ontology, seguido pela análise de enriquecimento de termos e identificação dos processos mais significativos. Foram analisadas 1,38 x 10<sup>9</sup> sequências, a partir das quais foram identificados 3.993 GDE. Considerando o tecido radicular, um maior número de GDEs foi encontrado no genótipo tolerante (BAT 477) em todos os tratamentos de restrição hídrica (93 genes), enquanto em Pérola foram identificados 71 genes. Para o tecido foliar, o genótipo Pérola apresentou maior número de DGEs em todas as condições (592) quando comparado ao BAT477 (156). Observou-se um aumento significativo no número de genes expressos ao longo dos períodos de restrição hídrica para os dois genótipos, com uma ativação de mais de 50% dos transcritos em raiz (T75). Adicionalmente, somente em raiz foi identificado o enriquecimento para um processo biológico em BAT477 relacionado à atividade da oxireductase. Em folha, para o genótipo tolerante, foram identificados processos relacionados à hidrólise enzimática e atividade da enzima fosfatase. Para Pérola, ao todo, 23 processos foram identificados, demonstrando atividade molecular mais diversificada após os minutos iniciais de estresse, incluindo o aumento da atividade catalítica, além de processos específicos como "resposta a estresse". Em Pérola foram identificados termos relacionados à apoptose após 75 min de deficiência hídrica, corroborando o caráter de maior suscetibilidade dessa cultivar. As informações estão sendo organizadas em bancos conforme suas funções gênicas para a melhor compreensão da evolução da expressão dos GDEs ao decorrer do estresse, das rotas moleculares nos quais estão envolvidos e identificação de genes com maior potencial para indução à tolerância à seca. Desse modo, o conjunto de genes ligados à determinada característica da tolerância poderão ser mais facilmente validados e disponibilizados aos diversos grupos de estudo e de melhoramento genético.

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

<sup>2</sup> Biólogo, Ph.D. em Genética e Melhoramento de plantas, pesquisador assistente no College of Life Science and Agriculture (COLSA) na Univeristy of New Hampshire, Durham – USA. arthurmelobio@gmail.com

<sup>3</sup> Farmacêutica, Especialista em Biotecnologia, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, paula.valdisser@embrapa.br

<sup>4</sup> Engenheiro agrônomo, Ph.D. em Ciências Biológicas (Biologia Molecular), pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, claudio.brondani@embrapa.br

<sup>5</sup> Engenheiro agrônomo, Ph.D. em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas), Professor Adjunto da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, asgcoelho@gmail.com

<sup>6</sup> Bióloga, Ph.D. em Ciências Biológicas (Biologia Molecular), pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, rosana.vianello@embrapa.br