

**SELEÇÃO DE CANDIDATOS A GENES REFERÊNCIA PARA ESTUDOS DE EXPRESSÃO GÊNICA EM *STYLOSANTHES SCABRA***

Flávia Tadeu de Araújo<sup>1</sup>; Valesca Pandolfi<sup>1</sup>; José Ribamar Costa Ferreira Neto<sup>1</sup>; Rômulo Fonseca dos Santos<sup>1</sup>; Carolina Vianna Morgante<sup>2</sup>; Nataniel Franklin de Melo<sup>2</sup>; Ana Maria Benko Iseppon<sup>1</sup>.

**E-mail:** flaviaaraujo\_8@hotmail.com

<sup>(1)</sup>Laboratório de Genética e Biotecnologia Vegetal - Universidade Federal de Pernambuco, Recife, PE; <sup>(2)</sup>Embrapa Semiárido, BR-428, Km 152, Petrolina, PE

**RESUMO**

*Stylosanthes scabra* é uma importante leguminosa amplamente empregada como forrageira. Por apresentar características de tolerância à seca e adaptação a solos com baixa fertilidade, destaca-se como uma espécie de grande interesse em análises de expressão de genes responsivos ao déficit hídrico. Nesse contexto, a PCR quantitativa em tempo real (RT-qPCR) tem mostrado ser uma eficiente técnica para validação da expressão de genes diferencialmente expressos sob determinadas condições fisiológicas, tecido-específicos ou relacionados ao tempo cronológico após o estresse. Esse trabalho teve como objetivo selecionar e testar um conjunto de genes com potencial uso como candidatos a genes de referência (responsáveis pela normalização das populações de transcritos nas distintas situações estudadas) a serem utilizados para a validação da expressão via RT-qPCR de experimentos de RNA-Seq de *S. scabra* mediante déficit hídrico. Seis pares de *primers* (que ancoram em transcritos codificadores de proteínas envolvidas em processos celulares basais) foram desenhados para amendoim (*Arachis hypogaea*), enquanto para soja (*Glycine max*) foram desenhados 11 pares. Esse conjunto de *primers* foi testado via PCR convencional usando como *template* cDNAs sintetizados a partir de RNA total de folhas e raízes de *S. scabra*. Dos 17 *primers* testados, 29,4% (ADH3, 60s, ELF1B, G6PD, RHA1) apresentaram funcionalidade e especificidade em ambos os tecidos analisados. Quando comparados os tipos de tecidos, foi verificado que 53% dos *primers* foram funcionais no tecido radicular, ao passo que 35,3% dos *primers* amplificaram somente no tecido foliar. O maior índice de transferibilidade foi obtido a partir de pares de *primers* desenhados para sequências de amendoim (83,3%), contra os 45,4% dos pares de *primers* desenhados para soja. Tal fato pode estar associado à maior sintonia entre *S. scabra* com o amendoim, uma vez que essas espécies apresentam-se filogeneticamente mais próximas comparativamente à soja. Devido à importância de *S. scabra* como fonte de genes importantes na tolerância a seca e, por ainda não existirem informações sobre a espécie em bancos de dados públicos, os resultados obtidos neste estudo representam um valioso conjunto de genes para uso em RT-qPCR como candidatos a genes de referência para análises de expressão de *S. scabra* em resposta ao déficit hídrico.

**APOIO**

CAPES, CNPq.