

Estudo da expressão e validação de genes candidatos induzidos em condições de deficiência hídrica em feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.)

Robson Botelho de Araújo¹, Anna Cristina Lanna², Gesimaria Ribeiro Costa Coelho³, Wendell Jacinto Pereira⁴, Paula Arielle Mendes Ribeiro Valdisser⁵, Cláudio Brondani⁶, Rosana Pereira Vianello⁷

A seca é considerada um dos principais fatores que comprometem a produção mundial do feijão-comum, afetando 73% da área plantada na América Latina. Esse estresse abiótico pode ser agravado quando associado com alta temperatura e ocorre nos estádios de floração e enchimento de grãos. Na última década diversos estudos de sequenciamento de transcrito levaram a identificação de genes potencialmente relacionados à resposta da planta ao estresse de deficiência hídrica. Existe uma forte demanda para explorar esse acervo de genes e validá-los quanto ao potencial de serem alvos para o desenvolvimento de marcadores biológicos úteis para a seleção e desenvolvimento de genótipos com maior tolerância à seca. O objetivo deste trabalho foi conduzir o experimento de deficiência hídrica em 25 genótipos de feijão, incluindo variedades tradicionais (VTs) e linhagens/cultivares em ambiente controlado de casa de vegetação, selecionar e avaliar os perfis de expressão de genes candidatos previamente identificados como associados à tolerância à deficiência hídrica e altas temperaturas. O delineamento foi de látice com os tratamentos (níveis hídricos) arranjados em blocos, utilizando três repetições por tratamento, totalizando doze repetições (seis colunas para cada nível hídrico) para cada um dos 25 genótipos. Os genótipos foram avaliados quanto aos atributos agrônômicos (produtividade de grãos, grãos por coluna, grãos por vagens, vagens por coluna, número de grãos inteiros e chochos) e moleculares (expressão gênica diferencial). Os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA) e à comparação de médias pelo teste Tukey ($p < 0,05$). Para a análise molecular, 11 genótipos contrastantes quanto à tolerância ao estresse estão sendo analisados em quatro épocas: 24 horas, sete e 15 dias após o início da restrição hídrica (mantido 50% da capacidade de campo do solo) e sete dias após a retomada da irrigação. A extração de RNA e síntese de cDNA total foram conduzidas utilizando produtos comerciais e qPCR conduzida no equipamento QuantStudio[®] 7 (Thermo Fisher Scientific) utilizando sondas de hidrólise. Quanto aos resultados de produtividade, o impacto do estresse imposto nas plantas de feijão-comum foi acentuado, apresentando uma variação de 0,17 a 5,37 g planta⁻¹. Os genótipos que mantiveram produtividade superior a 50% em condições de deficiência hídrica e alta temperatura (máxima de 40,3 °C) foram três variedades tradicionais e seis linhagens/cultivares comerciais. Desses, uma VT e uma linhagem internacional figuraram dentre os mais produtivos tanto em condição irrigada quanto em condição de estresse múltiplo. Desses, 11 foram selecionados e estão sendo avaliados quanto à expressão diferencial para dez genes-alvo e dois endógenos. As informações geradas possibilitarão validar genes previamente identificados em RNAseq, bem como elencar novos genes que poderão ser alvos para estudos avançados, contribuindo para uma melhor compreensão dos mecanismos de tolerância em feijão-comum.

¹ Mestrando em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, robson.araujo@live.com

² Química, doutora em Fisiologia Vegetal, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, anna.lanna@embrapa.br

³ Engenheira-agrônoma, doutora em Fitopatologia, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, gesimaria.coelho@embrapa.br

⁴ Doutorando em Biologia Molecular, Universidade de Brasília, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, wendell.j.p@hotmail.com

⁵ Mestranda em Genética e Biologia Molecular, Universidade Estadual de Campinas, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, paula.valdisser@embrapa.br

⁶ Engenheiro-agrônomo, doutor em Biologia Molecular, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, claudio.brondani@embrapa.br

⁷ Bióloga, doutora em Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, rosana.vianello@embrapa.br