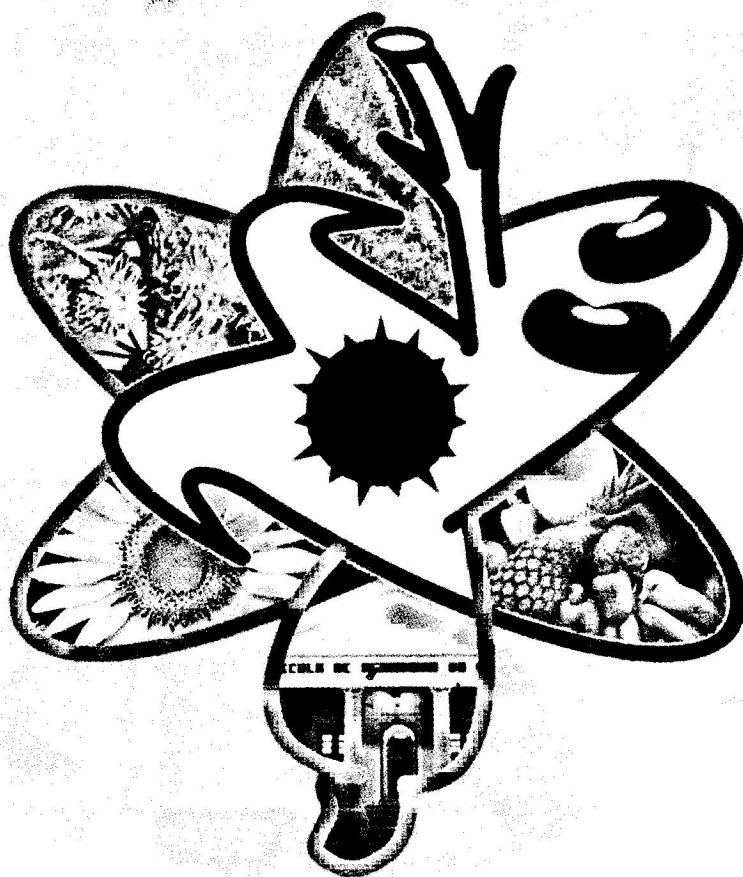


CBFV²⁰⁰⁹

XII Congresso Brasileiro de Fisiologia Vegetal
"Desafios para produção de alimentos e bioenergia"
7 a 12 de setembro de 2009 - Fortaleza - CE



LIVRO DE RESUMOS

Promoção:



Sociedade
Brasileira de
Fisiologia
Vegetal

Realização:



UFC

Embrapa

Agroindústria Tropical

plant architecture. Physical chromosome maps are being developed, including microsatellites, rDNA and *Phaseolus vulgaris* BAC probes and shall also integrate marker bulks from important regions of the genetic map, allowing the rapid transference of data among both crops for breeding purposes. The generated data reveals that the main features that collaborate to abiotic and biotic resistance are active in the first hours after stress begin, bringing important clues for breeding purposes.

Key words: Cowpea, Transcriptome, Genetic and Physical Mapping, Virus Resistance.

Financial support: FINEP (RENORBIO Program)/ BNB/ FACEPE.

62

In silico evaluation of NAC transcription factor associated to abiotic stress in the sugarcane transcriptome

Nina da M. Soares-Cavalcanti¹, Ana C. Wanderley-Nogueira¹, Luis C. Belarmino¹, **Valesca Pandolfi¹**, Ana M. Benko-Iseppon¹

¹Departamento de Genética/UFPE, Av. Prof. Moraes Rego, s/n., Cidade Universitária, CEP:50732-970-Recife, PE, Brasil, fone (81) 21267816, E-mail: valescapandolfi@gmail.com;

Transcription factors (TFs) represent a crucial role in development and regulation of metabolic pathways of plants submitted to abiotic stresses. Using eight NAC genes from *Arabidopsis thaliana* as seed sequence, the present work realized a data mining approach in order to find putative NAC orthologous in a collection of 237,954 sugarcane ESTs. The searches using tBLASTn tool revealed relative abundance and diversity of NAC candidate sequences. In general, the eight different studied genes presented similarities with the same clusters; in total, 75 orthologous presented significant alignments, from which 42 sequences with complete NAM domain, 14 with incomplete and in one no CD was found. In the dendrogram generated using MEGA program, with the selected sequences as compared with other procured from GenBank, was possible to classify proteins in 13 groups, four of them including monocots, six with dicots and three with representative of both classes. Such group segregation occurred probably due to the subdomains similarity in the different organisms; NAC proteins contain a highly conserved N-terminal DNA-binding domain, which is divided in five subfamilies. The expression pattern, through direct counting of the reads that composed each cluster and normalization of these data, showed high amount of transcripts in callus tissues, followed by root and leaf; the first one by itself represents the result of a stress processes, the second is the first organ that senses and responds to abiotic stresses, for the reduction in water availability causing osmotic imbalance, and the third is involved in the alteration of transpiration and respiration rates.

Key words: abiotic stress, NAC family, sugarcane, data mining, bioinformatic

Financial support: Facepe/ CNPq.

63

Resposta do feijão-caupi ao estresse salino e ao ataque de vírus via bibliotecas de ESTs

Valesca Pandolfi^{1,2}, Pedranne K. de A. Barbosa¹, **Amanda M. da Silva¹**, Nayara P. V. de Lira¹, Ederson A. Kido¹, Tercílio Calsa Junior¹, Lidiane L. B. Amorim¹, Alberto V. C. Onofre¹, Luiz C. B. da Silva¹, José R. C. Ferreira Neto¹, Semiramis J.H. do Monte², Rafael M. S. de S. Brandão², Anaregina de S. Araujo², José A. F. de Castro², Lauren M. Houllou-Kido³, Thalles B. Granjeiro⁴, Adriana S. Lima⁴, Marina D. P. Lobo⁴, Ilza M. Sittolin⁵, Maurisrael M. Rocha⁵, Francisco R. Freire Filho⁵, Genira P. Andrade⁶, Gilvan Pio-Ribeiro⁶, Ana M.B. Iseppon¹

¹Departamento de Genética/UFPE, Av. Prof. Moraes Rego, s/n., Cidade Universitária, CEP:50732-970, Recife, PE, Brasil, fone (81) 21267816, E-mail: amanda_ms4@hotmail.com; ²Laboratório de Imunogenética e Biologia Molecular/UFPI, Terezina, PI, Brasil; ³Centro de Tecnologias Estratégicas do Nordeste - CETENE, Recife, PE, Brasil; ⁴Departamento de Biologia/UFPA, Fortaleza, CE, Brasil; ⁵Embrapa Meio-Norte (CPAMN), Teresina, PI, Brasil; ⁶Depto. de Fitopatologia/UFRPE, Recife, PE, Brasil.

Danos provocados pelo ataque do vírus do mosaico severo do caupi (CPSMV), bem como pelo processo de salinização do solo são fatores limitantes na produção do feijão-caupi (*Vigna unguiculata*), favorecendo a redução do crescimento e da produtividade desta cultura. Com base nisso, a análise funcional de genes de feijão-caupi associados a estes estresses tem sido uma das metas do projeto NordEST (<http://www.vigna.ufpe.br/>). Este trabalho teve como objetivo identificar e analisar ESTs geradas a partir de 12 bibliotecas de cDNA de feijão-caupi na presença e ausência de estresse provocado pelo vírus CPSMV e por salinidade. Para cada tratamento foi realizada a extração do RNA total com posterior seleção de RNA mensageiro. A síntese de cDNA foi realizada pela transcriptase reversa e a clonagem direcional dos insertos (1-2 Kb) através de recombinação homóloga com regiões específicas do vetor pDONR222. Até o momento foi gerado um total de 31.938 seqüências da extremidade 5' dos insertos. Após a análise da qualidade,

28.915 ESTs foram consideradas válidas (mínimo de 120 pb, Phred >20), representando um índice de sucesso de 90 %. A montagem dessas ESTs resultou em 24.779 seqüências consenso, sendo constituídas por 22.855 singletons (79%) e por 6.060 ESTs (21%), distribuídas em 1.924 contigs, com tamanho médio de 818 pb, variando de 2 a 146 ESTs constituintes. O índice de novidade da biblioteca foi avaliado em 86 %. Dos 24.779 clusters, 13.134 (53 %) tiveram similaridade com seqüências de nucleotídeos (BlastN) de *A. thaliana*, *G. max*, *L. japonicus* e *M. truncatula*. Destas, 2.827 (21,5 %) seqüências puderam ser incluídas nas vias metabólicas conhecidas, através da ferramenta KEGG- (<http://www.genome.ad.jp/kegg/>). Novos bancos de dados estão sendo explorados para categorização de um maior número de genes. O crescente número de informações geradas neste trabalho será disponibilizado aos programas de melhoramento genético, favorecendo a competitividade desta cultura.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*, ESTs, estresse biótico/abiótico, Órgão financiador: MCT/ FINEP/ CNPq/ BNB/ FACEPE (Programa RENORBIO)

64

Análise de ESTs: mecanismo ativo de resistência a doenças em camu-camu cultivado em terra-firme no Amazonas

Marcicleide Lima do Espírito Santo¹; Kaoru Yuyama²

¹Laboratório de Evolução Aplicada/UFAM, Av. Gen. Rodrigo Octávio Jordão Ramos, 3000, Campus Universitário, Reitoria, Bairro Coroado I. CEP 69077-000. Manaus, AM - Brasil, marcicleide@ufam.edu.br;

²Coordenação de Ciências Agrônomicas/INPA, Manaus, AM - Brasil

O camu-camu é uma espécie nativa das várzeas e igapós da Amazônia. Apresenta grande potencial econômico com frutos ricos em vitamina C. O monocultivo em terra-firme tem favorecido a incidência de pragas e patógenos, por isso a identificação de genes envolvidos em repostas de defesa é importante para a elucidação dos mecanismos de resistência vegetal. O objetivo do trabalho foi analisar a biblioteca de ESTs (*Expressed Sequence Tag*) de frutos de camu-camu (CAMUEST) de plantas cultivadas em terra-firme (Rio Preto da Eva - AM, Brasil) para identificação de genes relacionados ao mecanismo de resistência ativo na planta. A partir das 3196 seqüências identificadas (*singlets* e *contigs*) foram obtidas as ORFs submetidas ao programa Blastp. Para análise da homologia foi utilizado o programa de alinhamento LALING. Um total de 48 diferentes seqüências, envolvendo 85 ESTs, foram relacionadas à defesa ativa nos frutos de camu-camu. Foi detectada a presença de genes que codificam para enzimas associadas a degradação de espécies reativas de oxigênio, sugerindo que resistência sistêmica adquirida (SAR) possa estar ocorrendo. Genes que codificam para proteínas relacionadas a resposta a patógenos também foram detectadas; bem como, genes que codificam para enzimas relacionadas à formação da parede celular e a produção de metabólitos secundários. Em função dos frutos não estarem infectados, pode-se inferir que estas repostas estão ocorrendo de forma sistêmica, caracterizando a indução da SAR como mecanismo de resistência ativo em frutos de camu-camu.

Palavras-chave: *Myrciaria dubia*, Amazônia, Expressed Sequence Tag, SAR

Órgão Financiador: FAPEAM/CNPq

65

Expressão das bombas de prótons e dos contrantransportadores vacuolares em resposta ao estresse osmótico em caupi

Alana Cecília de Menezes Sobreira¹, Francisco Yuri Maia de Sousa¹, Deborah Moura Rebouças¹, Caroline Nunes de Almada¹, José Hélio Costa¹, Dirce Fernandes de Melo¹

¹Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular - UFC. Fortaleza - CE Fone: (85) 3366-9825, Fax: (85) 3366-9829, e-mail: alanacecilia@yahoo.com.br

Os estresses osmótico e salino são dois dos mais sérios fatores que limitam o crescimento da planta. O estresse osmótico é causado primeiramente por um déficit de água nos tecidos das plantas. O estresse iônico é causado pela acumulação de íons Na⁺ e Cl⁻ e pelo desbalanço na taxa de K⁺/Na⁺ nas células das plantas. Alterações na relação de água e homeostase iônica causam danos moleculares, inibição do crescimento ou morte da planta. O contra-transportador Na⁺/H⁺ dirige ativamente o movimento de Na⁺ para dentro do vacúolo usando o gradiente de prótons gerado pelos transportadores primários, a V-ATPase e a V-PPase. O objetivo do trabalho foi avaliar os níveis de transcritos da VuVHA-A, VuVHA-E, VuHVP, VuNHX2 e VuNHX6 de raízes de *Vigna unguiculata* cv. Vita 5 em condição de estresse osmótico. As sementes de *V. unguiculata* foram germinadas no escuro a 25°C em papel de filtro umedecido com água destilada durante 3 dias. Após esse período as plântulas foram transferidas para meio de Hoaglands por 3 dias e depois submetidas a estresse osmótico (PEG 200,67 g/L) por diferentes tempos de exposição (0, 6, 12 e 24 horas). Os níveis de