

Análise transcricional de *Vigna unguiculata* infectada por potyvírus (CABMV) através de LongSAGE

Barbosa, PKA¹; Calsa Jr., T¹; Pandolfi, V¹; Kido, EA¹; Rocha, MM²; Sittolin, IM²; Andrade, GP³; Pio-Ribeiro, G³; Benko-Iseppon, AM¹

¹Departamento de Genética, Universidade Federal de Pernambuco, Recife, PE, Brasil

²Embrapa Meio-Norte (CPAMN), Teresina, PI, Brasil

³Depto. de Fitopatologia, Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, PE, Brasil
pedkab@gmail.com; celisepe@hotmail.com

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*, SAGE, Tags, estresse biótico, CABMV

O feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] é uma leguminosa de elevado teor protéico, tradicionalmente cultivada nas regiões Nordeste e Norte do Brasil tanto como cultura de subsistência quanto para comercialização. Recentemente, seu cultivo se estendeu a outras regiões, devido ao seu maior valor de mercado em relação ao tradicional feijão-comum, *Phaseolus vulgaris*, e à menor produtividade deste em áreas menos férteis. Trata-se do único feijão capaz de crescer nestas regiões, embora existam perdas consideráveis em sua produção, principalmente devido a estresses bióticos e abióticos. Entre os patógenos de maior incidência, destacam-se os potyvírus causadores de distorção de folhas, mosaico intenso e redução acentuada no crescimento das plantas, reduzindo em até 80% a produtividade. Cultivares tolerantes em geral carecem de características de mercado, havendo urgente necessidade de obtenção de variedades comerciáveis com maior resistência. Visando identificar genes de interesse, ferramentas de genômica expressa como EST (*Expressed Sequence Tag*) e SAGE (*Serial Analysis of Gene Expression*) têm sido usadas para a identificação de genes importantes. No âmbito Projeto Genoma do Feijão-Caupi (rede NordEST, Edital RENORBIO), tais técnicas têm sido associadas a técnicas de mapeamento genético, de modo a possibilitar uma rápida conversão de dados genômicos para programas de melhoramento desta cultura. Neste trabalho, a técnica de LongSAGE (Invitrogen) foi empregada para caracterizar o perfil transcricional de cultivares contrastantes [suscetível (BR-14 Mulato, BP) e tolerante (IT85-F, IP)] inoculadas com CABMV. Até o presente, 768 concatâmeros clonados em plasmídeo foram seqüenciados, com eficiência média de 92% (fração de seqüências contendo pelo menos 400 pb com qualidade *Phred* igual ou superior a 20). Dos 768 clones, um total de 5.367 tags válidos foram extraídos, dos quais 2.528 tags foram obtidos da biblioteca IP (genótipo resistente), e 2.839 da biblioteca BP (suscetível). A anotação presumível dos 20 tags mais freqüentes em cada biblioteca e dos tags com variação significativa na freqüência entre as bibliotecas foi realizada através da identidade com ESTs de *Vigna* anotadas comparativamente a proteínas de espécies pertencentes à ordem Fabales disponíveis no GenBank. Tags relativos a genes que codificam proteínas relacionadas ao metabolismo secundário, catabolismo de proteínas, reguladores do ciclo celular, biossíntese de etileno e resposta a estresse biótico foram identificados. A análise da ação destes genes nos processos metabólicos e fisiológicos permitirá a identificação de alvos interessantes para uso no melhoramento genético da cultura.

Apoio Financeiro: MCT/FINEP/CNPq/BNB/FACEPE (Programa RENORBIO).