



Análise de genes diferencialmente expressos em *Phaseolus vulgaris* sob condições de déficit hídrico

Müller, BSF^{1,2}; PAPPAS JR, GJ³; PEREIRA, M²; Guimarães, CM¹; Zambuzzi-Carvalho, PF²; Silveira, RDD¹; Brondani, C¹; Brondani, RPV¹

¹ EMBRAPA Arroz e Feijão, Goiânia, GO

² ICB, UFG, Goiânia, GO

³ EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF
mullerbsf@gmail.com

Palavras-chave: Feijoeiro comum, tolerância a seca, ESTs, leguminosa, Genoma.

Os fatores climáticos, como a seca e as altas temperaturas, são alguns dos principais problemas para o cultivo do feijoeiro comum e comprometem a produção em mais de 1,5 milhões de hectares do cultivo no mundo. A deficiência hídrica ocorre geralmente na maioria das regiões produtoras do feijão no Brasil, ocasionando constantes frustrações de safra, sendo a floração a fase mais vulnerável. Frente a esses grandes desafios, ênfase crescente tem sido dada à integração de tecnologias genômicas aos programas de melhoramento genético, visando auxiliar no desenvolvimento de novas variedades com maior potencial produtivo e estabilidade de produção em condições ambientais adversas. Com o intuito de ampliar o conhecimento dos mecanismos genéticos envolvidos na tolerância à seca, esse estudo prevê a criação de um banco de sequências gênicas e a identificação de genes-candidatos envolvidos na resposta ao déficit hídrico, utilizando as cultivares BAT 477, como genitor tolerante, e Pérola, como susceptível. O experimento para a obtenção do tecido vegetal e RNA foi conduzido em casa de vegetação na presença e ausência de déficit hídrico na fase de florescimento das plantas. Foram construídas duas bibliotecas subtrativas de cDNA baseadas em RDA. As sequências obtidas foram então avaliadas para qualidade, considerando um número mínimo de 250 pares de base com phred>20. Os *reads* foram comparados com as sequências do *GenBank* através do algoritmo *Blast nr*. Foram submetidas ao banco de dados 4.880 sequências, das quais 3.624 foram válidas, totalizando 82% de aproveitamento médio dos clones para a cultivar BAT477 e de 74% para Pérola. Análises *in silico* da presença diferencial de sequências entre as bibliotecas revelaram a identidade de um número importante de genes, provavelmente responsáveis pelas diferenças entre os genótipos e sua resposta ao déficit hídrico. Destas sequências, 70% se mostraram similares a sequências de genes com função desconhecida; 10% correspondem a genes envolvidos em processos de energia, outros 10% estão envolvidos na defesa celular e virulência; 2,5% estão associadas ao ciclo celular e processamento do DNA e 2,5% estão relacionados com a transcrição. Foram identificadas regiões genômicas contendo genes de grande interesse econômico, como por exemplo, fragmentos relacionados à repressão da auxina, às respostas a desidratação e à resposta ao estresse oxidativo, potencialmente envolvidos na resposta a esse estresse no feijoeiro comum. Em adição, uma mineração do banco de dados em desenvolvimento, indicou a presença de marcadores microssatélites e SNPs entre os genótipos contrastantes para a tolerância à seca. Os perfis de expressão gênica dos genes diferencialmente expressos serão agrupados e validados por RT-PCR quantitativo. Todos os dados gerados estão sendo integrados e compilados no banco de dados de *Phaseolus*, indicando alvos potenciais a serem explorados nos programas de melhoramento do feijoeiro comum.

Recursos financeiros: Macroprograma Embrapa/Monsanto