

Desenvolvimento de banco ESTs para feijão comum enriquecido para genes de resposta ao estresse hídrico

Müller, B. S. F.¹, Guimarães, C. M.², Silveira, R. D. D.³, Abreu, E. M., Sanches, B. A., Zambuzzi-Carvalho, P. F.⁴, Cláudio Brondani⁵ e Rosana Pereira Vianello Brondani⁶

Em condições de seca, o cultivo de *Phaseolus vulgaris* sofre severa queda de produtividade; sendo as fases de floração e de enchimento de grãos mais vulneráveis ao estresse hídrico. Com o intuito de ampliar o conhecimento dos mecanismos genéticos envolvidos na tolerância a seca esse estudo prevê a criação de um banco de seqüências gênicas e a identificação de genes-candidatos envolvidos na resposta a seca utilizando as cultivares BAT 477, como genótipo tolerante, e Pérola, como susceptível. O experimento para a obtenção do tecido vegetal foi conduzido em casa de vegetação sob estresse hídrico, onde se extraiu o RNA total das folhas na floração e no enchimento de grãos. Foram construídas quatro bibliotecas subtrativas de cDNA - Análise de Diferença Representacional (RDA). A análise pós-sequenciamento baseou-se na seleção das seqüências quanto ao tamanho e qualidade (phred ≥ 20). Das três bibliotecas seqüenciadas até o momento, a obtida da cultivar BAT477 a partir de tecido vegetal na fase de florescimento gerou 1,962 clones, com média de 82% de aproveitamento das seqüências (15,6% a 98,95%). Da biblioteca obtida da Pérola obtiveram-se 548 clones com média de 72% de aproveitamento (19,8% a 93,75%). Para a terceira biblioteca obtida da Pérola submetida a estresse hídrico no enchimento de grãos foram obtidos 507 clones, com média qualitativa de 88% (82,3% a 96,8%). Até o momento, aproximados 1,0 Mb válidos de informação de genoma foram obtidos e a atividade continua em andamento. Com estes resultados espera-se identificar genes diferencialmente expressos em estágios diversos de desenvolvimento da planta em resposta ao estresse hídrico. Esse banco de dados de seqüências poderá ser utilizado na busca por genes candidatos, para guiar a identificação de marcadores e ancoragem de genomas possibilitando um avanço no conhecimento da resposta do feijoeiro comum ao estresse hídrico.

¹ Estudante de Graduação em Ciências Biológicas na UFG, bolsista de CNPq na Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, mullerbsf@gmail.com

² Engenheiro agrônomo, doutor em Fisiologia Vegetal, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, cleber@cnpaf.embrapa.br

³ Biólogo, doutorando do Laboratório de Biotecnologia da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, ricardo_biolgia@hotmail.com

⁴ Farmacêutica, doutoranda do Laboratório de Biologia Molecular da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, patricia_zambuzzi@hotmail.com

⁵ Engenheiro agrônomo, doutor em Biologia Molecular, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, brondani@cnpaf.embrapa.br

⁶ Bióloga, doutora em Biologia Molecular Vegetal, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, rosanavb@cnpaf.embrapa.br