

**XV ENCONTRO DO TALENTO ESTUDANTIL DA
EMBRAPA RECURSOS GENÉTICOS E
BIOTECNOLOGIA**

01 a 03 de dezembro de 2010

Anais

Resumos dos Trabalhos

**Brasília, DF
Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia
2010**

030 - PERSPECTIVA PARA O USO NO BRASIL DE FEIJÃO GENETICAMENTE MODIFICADO, BASEADA NA DIVERSIDADE GENÉTICA DE *Bean golden mosaic virus* [The perspective for the use of genetically modified common beans in Brazil based on genetic diversity of *Bean golden mosaic virus*]

Silva, T.A.L.¹; Fontenele, R.S.¹; Faria, J.C.²; Aragão, F.J.L.³; Ribeiro, S.G.⁴

O mosaico dourado é uma doença viral causada pelo *Bean golden mosaic virus* (BGMV) e afeta o feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris*) no Brasil acarretando grandes perdas na produção. Com objetivo de controlar a virose, uma linhagem elite de feijoeiro transgênico foi desenvolvida baseando-se na construção de um intron-hairpin que silencia o gene viral AC1. Essa linhagem apresentou uma alta resistência a BGMV com a capacidade de conter o processo de replicação do vírus tanto em casa de vegetação como no campo. O silenciamento ocorre através de pequenos RNAs interferentes (siRNAs) que são específicos para uma sequência e que requerem uma alta identidade com o transgene. A resistência pode ser reduzida quando a identidade é menor que 90%. Para garantir uma ampla utilização de cultivares transgênicas em diferentes regiões do país, foram analisadas sequências de begomovírus isoladas de amostras de folhas de feijão com sintomas de infecção provenientes de diferentes estados do Brasil. Um total de 85 amostras foi coletado. O DNA total das folhas secas foi extraído utilizando o Kit Extract-N-Amp™ Plant PCR, seguido por amplificação por círculo rolante (RCA) usando Phi 29 polymerase. Foram realizadas reações de PCR com os primers BGMV-HPXHO e PAR1c484, onde o fragmento amplificado tem aproximadamente 1,3Kb, correspondendo à parte do gene AC1, toda a região comum e parte da capa protéica. Foram obtidas 25 sequências, que foram analisadas e comparadas com a sequência do BGMV-[BR:GO 87-1] (M88686). A identidade obtida foi entre 85,2% e 97,4%, indicando que provavelmente apenas o BGMV está presente em feijoeiros no campo. Embora a sequência do fragmento amplificado por PCR de três amostras ter identidade menor que 90%, quando comparada ao fragmento correspondente do BGMV, a porção equivalente à sequência utilizada na construção do vetor RNAi, foi sempre superior a 90% para todos os isolados estudados. Estes resultados evidenciam que o uso de cultivar transgênica derivada da linhagem elite resistente ao BGMV obtida pela Embrapa é viável em todo o território brasileiro.

Apoio: Embrapa e FAPDF.

¹ Biologia, graduação, Universidade de Brasília-UnB

² Fitopatologia, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³ Biologia Molecular, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴ Virologia Molecular, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia