

## Prospecção de genes ortólogos relacionados à tolerância ao déficit hídrico em forrageira nativa jurema-preta

Giovana Sarah Sales Batista<sup>1</sup>; Leonardo Furtado de Oliveira<sup>1</sup>; Marineide Rodrigues do Amorim<sup>1</sup>; Milena Maria Galeno Patrício Rodrigues<sup>1</sup>; Paulo Sarmanho da Costa Lima<sup>2</sup>; Raimundo Bezerra de Araújo Neto<sup>2</sup>;

<sup>1</sup>Mestranda em Genética e Melhoramento, Universidade Federal do Piauí, bolsista PIBIC/CNPq na Embrapa Meio-Norte, saarasales.b@gmail.com <sup>2</sup>Pesquisador da Embrapa Meio-Norte, paulo.costa-lima@embrapa.br

Apesar do grande desenvolvimento no conhecimento de sequências gênicas de diversos organismos, ainda há um déficit em algumas espécies que não têm genoma sequenciado depositado em bancos de dados. Uma possibilidade de prospecção gênica nessas espécies é a utilização de ortólogos a genes de espécies com genoma conhecido. A região Nordeste tem como notória característica a escassez de chuvas e, entre os recursos que a planta necessita para o seu desenvolvimento, a água muitas vezes se apresenta como o mais limitante. Com isso, a identificação de ortólogos de genes envolvidos na resposta à tolerância ao déficit hídrico torna-se de grande interesse para o estabelecimento de estratégias de melhoramento de plantas para obtenção de cultivares adaptadas aos diferentes tipos de estresse, bem como para melhor compreensão dos mecanismos de respostas à tolerância ao estresse hídrico. O presente trabalho teve como objetivo verificar a presença, na forrageira nativa jurema-preta (*Mimosa tenuiflora* Willd), de ortólogos aos genes LEA e HSP que são relacionados à tolerância ao déficit hídrico. O DNA foi extraído a partir de amostras de folhas jovens por meio do protocolo convencional com o uso de detergente CTAB. Foram usados *primers* desenhados a partir de regiões conservadas dos genes LEA e HSP, presentes no genoma de alfafa (*Medicago sativa*), por meio das sequências dos genes obtidas a partir de buscas no GenBank disponível no NCBI (National Center for Biotechnology Information). As amplificações foram realizadas em termociclador Veriti™ 96 Well Thermal Cycler (*Applied Biosystems*) nas seguintes condições: fase inicial de desnaturação de 1 minuto a 94 °C, seguida de 35 ciclos de 30 segundos a 94 °C para desnaturação, anelamento a uma temperatura dependente do *primer* durante 30 segundos, 30 segundos a 72 °C para extensão e uma extensão final de 3 minutos a 72 °C. Em decorrência da alta especificidade de anelamento dos *primers*, correspondente ao planejado quando do desenho, obtiveram-se bandas com alta definição e resolução. Por meio da reação da polimerase em cadeia (PCR) e eletroforese em gel de agarose, confirmou-se que ortólogos aos genes HSP e LEA estão presentes no genoma de *Mimosa tenuiflora*, espécie típica da caatinga, e que amplificam com boa eficiência, podendo ser utilizados em estudos de expressão gênica e em programas de melhoramento.

**Palavras-chave:** *Mimosa tenuiflora* Willd, homólogos, sequências.

**Agradecimentos:** Embrapa Meio-Norte, UFPI.