

Validação de genes candidatos para tolerância à seca via qPCR em um amplo grupo de genótipos de feijão submetidos à deficiência hídrica

Robson Botelho de Araújo¹, Wendell Jacinto Pereira², Paula Arielle M. Ribeiro Valdisser³, Anna Cristina Lanna⁴, Claudio Brondani⁵, Rosana Pereira Vianello⁶

A genômica funcional tem como finalidade a compreensão da organização dos genes e da informação genética no genoma dentro de uma perspectiva funcional. O transcriptoma é um dos principais elementos da genômica funcional e compreende o conjunto de todos os transcritos produzidos em um organismo nos seus variados estádios de desenvolvimento e condições ambientais. A avaliação da expressão de genes alvos responsivos em condições de seca em um conjunto diverso de germoplasma deverá permitir correlacionar o padrão de expressão genética em diferentes fases da planta e produtividade da planta adulta, atuando também como um marcador fenotípico para possibilitar o melhoramento com base na seleção das plantas. Esse estudo, vinculado a uma dissertação de mestrado, tem como objetivo avaliar o perfil de expressão de dezenas de genes previamente identificados como responsivos em condições de seca em genótipos de feijão submetidos à deficiência hídrica. Um grupo de 25 genótipos de feijão previamente classificados como contrastantes para tolerância à deficiência hídrica serão fenotipicamente avaliados em condições controladas na SITIS em dois experimentos, com e sem deficiência hídrica no solo. O delineamento experimental será o de blocos casualizados com três repetições. As características avaliadas serão a produtividade de grãos, número de vagens por planta, número de grãos por vagem e a massa de 100 grãos. O estado hídrico das plantas, durante o período de deficiência hídrica, será monitorado e inferido para a composição dos parâmetros fisiológicos. O tecido foliar dos 25 genótipos submetidos aos dois tratamentos hídricos será coletado em três épocas: no dia do início do período de restrição hídrica, ao final desse período e 24 horas após a retomada da irrigação. As amostras de tecido foliar serão utilizadas para a obtenção de cDNA. Serão avaliados, via qPCR utilizando sondas de hidrólise (TaqMan[®]), um conjunto de 23 genes candidatos previamente identificados como regulados em resposta ao estresse hídrico em fase vegetativa e reprodutiva. Entre os genes selecionados, encontram-se fatores de transcrição, chaperonas, proteínas quinases, proteínas *heat shock*, lipoxigenases, ubiquitinas, dentre outros. A avaliação dos perfis de expressão gênica aliada às análises estatísticas dará suporte à genômica funcional na identificação de genes envolvidos em respostas diferenciadas entre genótipos submetidos a condições de seca. A partir dos resultados gerados serão indicados genes alvos potenciais a serem explorados em abordagens de transgenia e seleção nos programas de melhoramento de feijão.

¹ Mestrando em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, robson.araujo@live.com

² Mestrando em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, wendell.j.p@hotmail.com

³ Mestranda em Genética e Biologia Molecular, Universidade Estadual de Campinas, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, paula.valdisser@embrapa.br

⁴ Química, Dra. em Fisiologia Vegetal, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, anna.lanna@embrapa.br

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

⁶ Bióloga, Dra. em Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, rosana.vianello@embrapa.br