



Nº 333 – IDENTIFICAÇÃO IN SILICO DE RNAs DE VIDA LONGA PUTATIVOS DE FEIJÃO

Thifany Purcena^{1,2}; Alisson Ferreira Dantas^{1,2}; Marcos Gimenes¹; Priscila Grynberg¹
1 – Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF; 2 - Bolsista da Fundação de Amparo à Pesquisa do DF. *E-mail do autor apresentador: marcos.gimenes@embrapa.br

OBJETIVOS

O objetivo desse trabalho foi identificar genes de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) ortólogos a 107 proteínas de arroz (*Oryza sativa* L.), que é uma das poucas espécies que possuem RNAs de vida longa identificadas experimentalmente. Uma vez que dados sugerem que a redução na integridade de RNAs em sementes é linearmente correlacionada com a queda no poder de germinação, a informação sobre esses RNAs pode auxiliar no desenvolvimento de método que permita detecção de estágios de envelhecimento anteriores ao início da redução da viabilidade da semente.

MATERIAL E MÉTODOS

Uma análise de genômica comparativa por grupos ortólogos foi realizada utilizando o programa OrthoFinder. Os ortogrupos contendo os identificadores das proteínas de arroz codificadas por RNAs de vida longa foram recuperados e as proteínas de feijão presentes foram identificadas. O nível de similaridade entre as proteínas ortólogas foi verificado com o algoritmo de alinhamento blastp.

RESULTADOS

Todas as 107 proteínas de arroz foram identificadas em feijão, sendo 99 ortólogas entre si e com média de 77% de similaridade entre as sequências e, por isso, foram anotadas funcionalmente com termos de ontologia gênica. A alta similaridade encontrada também tem sido observada entre outras monocotiledôneas e dicotiledôneas sugerindo que os RNAs de vida longa de sementes são conservados entre as espécies. Na tabela 1, são apresentados parte dos resultados obtidos

Tabela 1 – Exemplos do nível de similaridade entre proteínas codificadas por genes de arroz que transcrevem RNAs de vida longa e genes de feijão.

Identificador gene <i>Oryza sativa</i>	Descrição gene <i>Oryza sativa</i>	Identificador <i>P. vulgaris</i>	Descrição gene <i>P. vulgaris</i>	%ID
LOC_Os01g04190.1	Transporter family protein, putative	Phvul.004G061900.1.p	Transporter family protein, putative	79,84
LOC_Os01g09320.1	NADP-dependent malic enzyme, chloroplast precursor, putative	Phvul.002G0309800.1.p	NADP-dependent malic enzyme, chloroplast precursor, putative	80,25
LOC_Os01g09570.1	6-phosphofructokinase, putative	Phvul.004G173900.1.p	6-phosphofructokinase, putative	76,88
LOC_Os01g16240.1	Calmodulin	Phvul.001G102700.1.p	Calmodulin	99,33
LOC_Os01g16900.1	Dehydrogenase, putative	Phvul.007G150400.1.p	Dehydrogenase, putative	84,62
LOC_Os01g22010.1	S-adenosylmethionine synthetase, putative	Phvul.003G120201.1.p	S-adenosylmethionine synthetase, putative	94,37
LOC_Os01g42380.1	Pleiotropic drug resistance protein, putative	Phvul.010G152500.1.p	Pleiotropic drug resistance protein, putative	69,29
LOC_Os01g46380.1	Ketolacid reductoisomerase, chloroplast precursor, putative	Phvul.011G134200.1.p	Ketolacid reductoisomerase, chloroplast precursor, putative	84,50
LOC_Os01g46750.1	AMP-binding enzyme, putative	Phvul.002G164000.1.p	AMP-binding enzyme, putative	74,43
LOC_Os01g50700.1	Dehydrin family protein	Phvul.011G210000.2.p	DNA/RNA topoisomerase N-terminal domain-containing protein	67,09
LOC_Os01g53680.1	6-phosphofructokinase, putative	Phvul.009G112450.1.p	6-phosphofructokinase, putative	74,95
LOC_Os01g59790.1	ADP-ribosylation factor, putative	Phvul.003G081400.1.p	ADP-ribosylation factor, putative	98,90
LOC_Os01g61710.1	Coatamer subunit delta, putative	Phvul.007G023200.1.p	Coatamer subunit delta, putative	70,36
LOC_Os01g66940.1	Kinase, pK8 family, putative	Phvul.011G063800.2.p	Kinase, pK8 family, putative	73,27
LOC_Os01g73790.1	NAD dependent epimerase/dehydratase family protein, putative	Phvul.005G128500.1.p	NAD dependent epimerase/dehydratase family protein, putative	84,46
LOC_Os02g05310.1	Splicing factor 3B subunit 1, putative	Phvul.006G175600.1.p	Splicing factor 3B subunit 1, putative	86,12
LOC_Os02g07410.1	Glycine cleavage system H protein, putative	Phvul.007G233300.2.p	Glycine cleavage system H protein, putative	75,00
LOC_Os02g27950.1	Ataxin-2 related protein, putative	Phvul.005G156000.1.p	Ataxin-2 related protein, putative	42,07
LOC_Os02g32660.1	1,4-alpha-glucan branching enzyme, chloroplast precursor, putative	Phvul.001G187600.1.p	1,4-alpha-glucan branching enzyme, chloroplast precursor, putative	78,05

CONCLUSÃO

A comparação permitiu a identificação de transcritos candidatos a RNAs de vida longa de sementes de feijão que poderão ser utilizados em comparações entre acessos de feijão com poderes de germinação contrastantes, no intuito de validar o RNA como marcador de envelhecimento em nível molecular e complementar ao teste de germinação.

AGRADECIMENTOS

À Fundação de Apoio à Pesquisa do Distrito Federal (FAP-DF).