

Nº 349 – GENES DE FEIJÃO ORTÓLOGOS A GENES DE *ARABIDOPSIS* QUE CODIFICAM TRANSCRITOS ASSOCIADOS A MONOSSOMOS EM SEMENTES

THIFANY VILELA PURCENA⁽¹⁾; **ALISSON FERREIRA DANTAS**⁽¹⁾; MARCOS APARECIDO GIMENES⁽²⁾; PRISCILA GRYNBERG⁽²⁾,

¹ Bolsista da Fundação de Apoio a Pesquisa do Distrito Federal. ² Embrapa Recursos Genéticos.
E-mail do autor apresentador: alissonfdantas@yahoo.com.br

OBJETIVOS

O objetivo deste trabalho foi identificar genes de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) ortólogos a genes de *Arabidopsis thaliana* que codificam mRNAs de vida longa associados a monossomos.

MATERIAL E MÉTODOS

As sequências proteicas de mRNAs de vida longa de *A. thaliana*, que comprovadamente estão associadas a monossomos em sementes, foram utilizadas para encontrar sequências ortólogas em feijão.

Para isso, 110 genes de *A. thaliana* associadas a monossomos foram selecionados e uma análise de genômica comparativa através da identificação de ortogrupos foi realizada.

O nível de similaridade entre as proteínas ortólogas foram verificadas com o algoritmo de alinhamento blastp.

RESULTADOS

Tabela 1. Análise geral dos dados obtidos

	Ortólogos	Não ortólogos
Quantidade de proteínas	94	16
Tamanho médio (pb) ± dp das proteínas - <i>A. thaliana</i>	517,82 ± 286,53	458,68 ± 186,25
Tamanho médio (pb) ± dp das proteínas - <i>P. vulgaris</i>	524,30 ± 289,35	1114,5 ± 882,53***
Identidade ± dp	65,3% ± 14,49	40,64 ± 15,40***
Tamanho relativo das proteínas	1,03 ± 0,24	2,53 ± 2,02***

Dp = desvio padrão. ***p<0,001

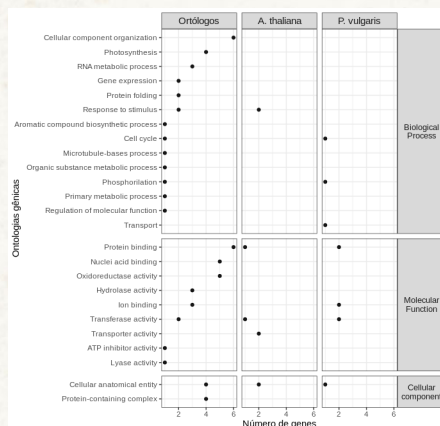


Figura 1. Termos de ontologia gênica anotados nos genes ortólogos entre *A. thaliana* e *P. vulgaris*, e termos encontrados nos genes não ortólogos de ambas as espécies.

CONCLUSÃO

94 genes ortólogos foram encontrados entre as duas espécies com média de 65% de similaridade entre as sequências

Os transcritos de feijão identificados serão analisados entre amostras com diferentes poderes de germinação, com o intuito de avaliar o potencial como marcador para envelhecimento sob condições de armazenamento em longo prazo em bancos de germoplasma.

AGRADECIMENTOS

Fundação de Apoio a Pesquisa do Distrito Federal e Embrapa Recursos Genéticos