

IDENTIFICAÇÃO *IN SILICO* DE RNAs DE VIDA LONGA PUTATIVOS DE FEIJÃO

Thifany Purcena^{1,2}; Alisson Ferreira Dantas^{1,2}; Marcos Gimenes¹; Priscila Grynberg¹

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF; ²Bolsista da Fundação de Amparo à Pesquisa do DF. *E-mail do autor apresentador: marcos.gimenes@embrapa.br

A conservação de sementes é uma das formas mais eficientes para a conservação de recursos genéticos em longo prazo. O teste de germinação é o método mais recomendado para o monitoramento da viabilidade das sementes. Entretanto, esse teste não permite a detecção dos estágios iniciais da deterioração das sementes, mas apenas os finais, que são caracterizados por sementes com baixa viabilidade ou mortas. Em função disso, tem-se buscado marcadores que permitam a avaliação desses estágios mais precoces. Têm sido demonstrado que os RNAs estocados em sementes podem ser candidatos a marcadores moleculares, uma vez que dados sugerem que a redução em sua integridade é linearmente correlacionada com a queda no poder de germinação e pode ser detectada antes da perda total de viabilidade. Em função disso, nosso objetivo 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. Para tanto, 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. 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. 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.

Palavras-chave: conservação, recursos genéticos, monitoramento, genes ortólogos.

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