

AVALIAÇÃO *IN SILICO* DA EXPRESSÃO DE GENES DE FEIJÃO ORTÓLOGOS A GENES QUE CODIFICAM RNAs ARMAZENADOS EM SEMENTES

Thifany Purcena¹; Alisson Ferreira Dantas¹; Marcos Aparecido Gimenes¹;
Priscila Grynberg¹.

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. *E-mail do autor apresentador: marcos.gimenes@embrapa.br

Existem milhares de mRNAs armazenados em sementes e entre esses existe um grupo, os RNAs de vida longa, que são destinados a síntese de proteínas envolvidas em processos fundamentais para a germinação. A identificação desses mRNAs permitirá o melhor entendimento do processo de armazenamento e da manutenção de sua integridade ao longo do tempo em condições de conservação em longo prazo. O objetivo deste trabalho foi avaliar *in silico* a expressão de genes de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) ortólogos a genes de soja [*Glycine max* L. (Merrill)] que codificam mRNAs armazenados em sementes. Para tanto, os genes de feijão candidatos à expressão de mRNAs de vida longa, previamente identificados, foram utilizados para identificação de ortólogos em soja, que é uma leguminosa relacionada ao feijão, através de análise de genômica comparativa. A expressão de 83 genes em diferentes tecidos de soja ortólogos a 44 genes de feijão foi verificada utilizando a plataforma web Bar ("Web-based tools for visualizing functional genomics and other data"). Nove genes de soja ortólogos a seis genes de feijão apresentam expressão alta e exclusiva em tecidos de sementes sendo quatro entre 10 e 13 dias após a floração (DAF) e cinco entre 28 e 42 dias após a floração. Aqueles que apresentam expressão mais tardia podem representar mRNAs de vida longa. A identificação desses mRNAs de vida longa candidatos abre a possibilidade de avaliação de suas integridades durante o processo de armazenamento de feijão em longo prazo em bancos de germoplasma. Tal avaliação pode contribuir para o monitoramento das coleções uma vez que estudos demonstram que a redução na integridade dos RNAs armazenados em semente é correlacionada com a degradação da semente e pode ser detectada antes que essa degradação seja refletida em redução do poder de germinação do acesso em conservação.

Palavras-chave: in silico, feijão, RNAs de vida longa, ortólogos.

Agradecimentos: Fundação de Apoio à Pesquisa do Distrito Federal.