

GENES DE FEIJÃO ORTÓLOGOS A GENES DE *ARABIDOPSIS* QUE CODIFICAM TRANSCRITOS ASSOCIADOS A MONOSSOMOS EM SEMENTES

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

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ²Bolsista da Fundação de Apoio à Pesquisa do Distrito Federal. *E-mail do autor apresentador: alissonfdantas@gmail.com

Sementes contêm mRNAs que são sintetizados em suas fases de maturação e se mantêm funcionais até o momento da germinação. Tais mRNAs são denominados de vida longa e são considerados fundamentais para germinação de sementes de muitas espécies. Estudos demonstram que o mRNA de sementes pode ser um marcador eficaz do envelhecimento molecular de sementes, permitindo a diferenciação entre estágios assintomáticos para poder de germinação, incluindo aqueles que precedem quedas bruscas no poder de germinação e que pode levar a perda de variabilidade genética. Portanto, a identificação desses mRNAs de vida longa podem contribuir no desenvolvimento de métodos para monitoramento de germoplasma semente. O feijão é de suma importância para a agricultura brasileira e possui uma das maiores coleções do Banco Genético da Embrapa. 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. 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. Dados indicam que a associação a monossomos é uma das maneiras para que os RNAs de vida longa se mantenham funcionais após longos períodos de armazenamento. 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. Foram encontrados 95 genes ortólogos 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.

Palavras-chave: conservação; monitoramento; genes ortólogos.

Agradecimentos: Fundação de Apoio à Pesquisa do Distrito Federal.