

## NÍVEIS DE EXPRESSÃO GÊNICA EM SEMENTES DE FEIJÃO (*Phaseolus vulgaris* L.) COM DIFERENTES FASES DE ENVELHECIMENTO

Cristielly O.S. Machado<sup>1</sup>; Alisson F. Dantas<sup>1</sup>; Tayara N. Colins<sup>1</sup>; Rutiane  
Moreira<sup>1</sup>; Antonieta N. Salomão<sup>1</sup>; Guilherme H. de Oliveira<sup>1</sup>; Marília C.R.  
Pappas<sup>1</sup>; Priscila Grynberg<sup>1</sup>, Ana C.M. Brasileiro<sup>1</sup>; Marcos A. Gimenes<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. <sup>2</sup> Embrapa Arroz e Feijão.  
cristiellymachado10@gmail.com

Para a germinação acontecer é necessário uma série de eventos bioquímicos e fisiológicos complexos, incluindo a ativação de enzimas, a síntese de proteínas e a regulação de genes. Essa síntese dependente de mRNA pode não acontecer se este estiver degradado. Em bancos de germoplasma, as sementes são conservadas em umidade e temperatura baixas, e mesmo assim os processos celulares continuam sendo realizados lentamente, provocando o envelhecimento e perda de integridade dos mRNAs armazenados. O objetivo desse estudo foi avaliar o nível de expressão de genes relacionados a germinação em sementes de diferentes acessos de feijão armazenados no Banco genético da Embrapa com diferentes poderes de germinação (PG) e fases de envelhecimento. RNAs de vida longa em feijão foram identificados usando genômica comparativa de RNAs de vida longa em arroz (*Oryza sativa* L.). Noventa genes de feijão que são ortólogos de arroz e tem transcritos traduzidos durante a germinação foram identificados. Foram desenhados primers para as regiões 5' e 3' de cada transcrito e os mesmos foram amplificados usando gDNA e posteriormente cDNA. Nas sementes, 30 transcritos foram identificados usando ambos os pares de primer 5' e 3'. Na qPCR o Cycle threshold (C<sub>t</sub>) foi obtido para 9 transcritos em amostras de sementes de diferentes fases de envelhecimento (PG: 100%, 98%, 96%, 45%, 30%, 3% e 4%). A expressão gênica foi feita no SATqPCR Tool com o gene referência T197. Como resultado, 6 (LEA, SMP1, SF3B1, ATP6B, PSMA e TRA) dos 9 genes testados mostraram serem up-regulated e estarem relacionados a germinação. Houve uma expressão maior na região 3' do que na 5', principalmente em genes grandes (SF3B1 3786 pb) nas amostras com PG alto < 96% e PG intermediário 45% e 30%, mostrando que essa região é mais conservada. Esses transcritos estavam nas sementes há 30 anos, durante o seu armazenamento, as amostras de PG alto puderam mostrar isso, e as de PG baixo, que não mostraram expressão, perderam integridade no seu RNA durante esse tempo no Banco genético.

**Palavras-chave:** RNA; C<sub>t</sub>; gene; poder de germinação; banco; qPCR; integridade.

**Agradecimentos:** A FAP-DF pelo apoio financeiro (Processo 00193.00000928/2021-71)