

CBFV 2009

XII Congresso Brasileiro de Fisiologia Vegetal
"Desafios para produção de alimentos e bioenergia"
7 a 12 de setembro de 2009 - Fortaleza - CE



PROMOÇÃO:



Resposta do feijão-caupi ao estresse salino e ao ataque de vírus via bibliotecas de ESTs

Valesca Pandolfi^{1,2}, Pedranne K. de A. Barbosa¹, **Amanda M. da Silva¹**, Nayara P. V. de Lira¹, Ederson A. Kido¹, Tercílio Calsa Junior¹, Lidiane L. B. Amorim¹, Alberto V. C. Onofre¹, Luiz C. B. da Silva¹, José R. C. Ferreira Neto¹, Semiramis J.H. do Monte², Rafael M. S. de S. Brandão², Anaregina de S. Araujo², José A. F. de Castro², Laureen M. Houllou-Kido³, Thalles B. Granjeiro⁴, Adriana S. Lima⁴, Marina D. P. Lobo⁴, Ilza M. Sittolin⁵, Maurisrael M. Rocha⁵, Francisco R. Freire Filho⁵, Genira P. Andrade⁶, Gilvan Pio-Ribeiro⁶, Ana M.B. Iseppon¹

¹Departamento de Genética/UFPE, Av. Prof. Moraes Rego, s/ no., Cidade Universitária, CEP:50732-970, Recife, PE, Brasil, fone (81) 21267816, E-mail: amanda_ms4@hotmail.com;

²Laboratório de Imunogenética e Biologia Molecular/UFPI, Terezina, PI, Brasil; ³Centro de Tecnologias Estratégicas do Nordeste -CETENE, Recife, PE, Brasil; ⁴Departamento de Biologia/UFC, Fortaleza, CE, Brasil; ⁵Embrapa Meio-Norte (CPAMN), Teresina, PI, Brasil; ⁶Depto. de Fitopatologia/UFRPE, Recife, PE, Brasil.

Danos provocados pelo ataque do vírus do mosaico severo do caupi (CPSMV), bem como pelo processo de salinização do solo são fatores limitantes na produção do feijão-caupi (*Vigna unguiculata*), favorecendo a redução do crescimento e da produtividade desta cultura. Com base nisso, a análise funcional de genes de feijão-caupi associados a estes estresses tem sido uma das metas do projeto NordEST (<http://www.vigna.ufpe.br/>). Este trabalho teve como objetivo identificar e analisar ESTs geradas a partir de 12 bibliotecas de cDNA de feijão-caupi na presença e ausência de estresse provocado pelo vírus CPSMV e por salinidade. Para cada tratamento foi realizada a extração do RNA total com posterior seleção de RNA mensageiro. A síntese de cDNA foi realizada pela transcriptase reversa e a clonagem direcional dos insertos (1-2 Kb) através de recombinação homóloga com regiões específicas do vetor pDONR222. Até o momento foi gerado um total de 31.938 seqüências da extremidade 5' dos insertos. Após a análise da qualidade, 28.915 ESTs foram consideradas válidas (mínimo de 120 pb, Phred >20), representando um índice de sucesso de 90 %. A montagem dessas ESTs resultou em 24.779 seqüências consenso, sendo constituídas por 22.855 *singletons* (79%) e por 6.060 ESTs (21%), distribuídas em 1.924 *contigs*, com tamanho médio de 818 pb, variando de 2 a 146 ESTs constituintes. O índice de

CBFV 2009

XII Congresso Brasileiro de Fisiologia Vegetal
"Desafios para produção de alimentos e bioenergia"
7 a 12 de setembro de 2009 - Fortaleza - CE



PROMOÇÃO:



novidade da biblioteca foi avaliado em 86 %. Dos 24.779 *clusters*, 13.134 (53 %) tiveram similaridade com seqüências de nucleotídeos (BlastN) de *A. thaliana*, *G. max*, *L. japonicus* e *M. truncatula*. Destas, 2.827 (21,5 %) seqüências puderam ser incluídas nas vias metabólicas conhecidas, através da ferramenta KEGG (<http://www.genome.ad.jp/kegg/>). Novos bancos de dados estão sendo explorados para categorização de um maior número de genes. O crescente número de informações geradas neste trabalho será disponibilizado aos programas de melhoramento genético, favorecendo a competitividade desta cultura.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*, ESTs, estresse biótico/abiótico,

Órgão financiador: MCT/ FINEP/ CNPq/ BNB/ FACEPE (Programa RENORBIO)