

## **Análise do Transcriptoma de Plantas de Feijoeiro Comum (*Phaseolus vulgaris* L.) Quanto a Eficiência do Uso do Fósforo**

Daiana Alves da Silva<sup>1</sup>; Siu Mui Tsai<sup>2</sup>; José Antonio de Fátima Esteves<sup>3</sup>, Gustavo Henrique Recchia<sup>4</sup>, Alisson Fernando Chiorato<sup>5</sup>; Sérgio Augusto Morais Carbonell<sup>6</sup>

<sup>1,3,5,6</sup>Centro de Análise e Pesquisa Tecnológica do Agronegócio dos Grãos e Fibras do Instituto Agrônomo – IAC, Campinas/ SP/Brasil. e-mail: [daiagrouel2002@hotmail.com](mailto:daiagrouel2002@hotmail.com)

<sup>2,4</sup>Centro de Energia Nuclear na Agricultura, Universidade de São Paulo (CENA/USP), Piracicaba, SP, Brasil.

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é um alimento de grande importância nas regiões tropicais, onde a maioria da produção ocorre em pequenas propriedades com baixo emprego tecnológico e, conseqüentemente maior vulnerabilidade aos estresses abióticos como os estresses nutricionais, sendo o fósforo o nutriente mais limitante para o crescimento da cultura nessas regiões. Assim, esse estudo teve como objetivo caracterizar os perfis de expressão gênica dos genótipos de feijoeiro comum IAC Imperador e DOR 364, previamente classificados como Eficiente e Ineficiente quanto ao uso do P, utilizando a tecnologia de sequenciamento de transcritos RNAseq. As plantas foram cultivadas em hidroponia, com aplicação de duas concentrações de P, dose restritiva e dose controle (4,00; 8,00 mg L<sup>-1</sup>). O delineamento experimental foi um fatorial 2X2, sendo o primeiro fator constituído pelo tratamento dose de fósforo e o segundo fator pelos dois genótipos, com nove repetições. Seis repetições foram coletadas no estágio de florescimento (R6) para a realização das análises dos caracteres agrônômicos e para a extração do RNA do sistema radicular, as outras três replicatas foram conduzidas até a produção de grãos. Os perfis de expressão gênica foram obtidos a partir de 12 amostras únicas e as análises de mapeamento genômico realizadas contra o genoma do feijoeiro disponível base de dados Phytozome v.9.1. A análise de expressão diferencial foi realizada primeiramente com a contagem bruta dos reads, seguido da normalização dos dados e correção FDR utilizando o pacote R/Bioconductor. Os contigs diferencialmente expressos foram anotados tendo como referência a base de dados NCBI utilizando a ferramenta blastx, a classificação funcional foi realizada utilizando o programa Blast2GO, além da Análise de Enriquecimento (por teste de Fisher – Fisher 2-Tailed) para vias metabólicas enriquecidas. As análises dos caracteres agrônômicos evidenciaram a superioridade do genótipo IAC Imperador. Foram mapeados 99,2% dos reads no genoma de referência, e do total aproximado de reads únicos, 193 milhões foram observados no tratamento com restrição do P e 180 milhões na condição controle. Em relação ao tratamento com restrição do P foram associados 21725 termos GO, sendo distribuídos num percentual de 0,04; 59,97 e 39,98% nas categorias funcionais componentes celulares, função molecular e processos biológicos. No tratamento controle foram associados 7876 termos GO, distribuídos num percentual de 89,02%, 10,74% e 0,22% para respectivamente processos biológicos, função molecular e componente celular. Foi possível verificar diferença no perfil de expressão gênica entre os genótipos em ambos os tratamentos, sendo possível identificar 3217 genes diferencialmente expressos no genótipo IAC Imperador e 15 genes diferencialmente expressos no genótipo DOR 364, considerando as condições controle e de restrição do P.

**Palavras-chave:** RNAseq, restrição de P, hidroponia, sistema radicular.

**Agradecimento:** À FAPESP pela concessão da bolsa de estudos.