



Categoria: Mestrado

Fixação Biológica de Nitrogênio

Identificação de genes importantes para FBN em *Phaseolus vulgaris* L. por meio da análise do transcriptoma de linhagem supernodulante

Amanda Pires Lopes¹, Jean Luiz Simões de Araújo²

¹Bolsista de Mestrado CAPES, Programa de Biotecnologia Vegetal e Bioprocessos, UFRJ, amandapires.1@hotmail.com;
²Pesquisador, Embrapa Agrobiologia, jean.araujo@embrapa.br.

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris*) compõe a dieta do brasileiro e tem grande importância socioeconômica sendo cultivado em diversas regiões do país, com a utilização de diferentes níveis tecnológicos, desde plantio com baixo uso de insumos até o uso de tecnologias de irrigação, colheita mecanizada e adubação nitrogenada. Uma alternativa para o fornecimento do nitrogênio é a fixação biológica de nitrogênio (FBN) a partir da inoculação com rizóbio. O processo de FBN envolve várias etapas sendo bastante influenciado por fatores ambientais e genéticos. Dessa forma, no caso feijoeiro a quantidade de N fixado pode não ser suficiente para altos níveis de produtividades, principalmente em função da baixa capacidade de nodulação da maioria das cultivares utilizada atualmente. Este trabalho objetiva identificar os genes envolvidos no processo de nodulação e FBN em feijoeiro através do estudo do transcriptoma de linhagens contrastantes quanto à nodulação (linhagens selvagens e supernodulante). O experimento será conduzido em câmara de crescimento e laboratórios da Embrapa Agrobiologia . Seropédica. Para tal, serão utilizadas a cultivar OAC Rico e sua linhagem mutada R32. Após a coleta de amostras de nódulo e raiz em duas fases diferentes do desenvolvimento, estas serão submetidas às análises de RNA-Seq para identificação de genes diferencialmente expressos. Espera-se que este estudo forneça informações para um maior entendimento da simbiose entre a planta e bactéria, bem como o processo de nodulação e FBN no feijão comum.

Palavras chave:
fixação biológica de nitrogênio, feijão-comum, RNA.