



Categoria: Doutorado

Núcleo temático: ABC

Uso de CRISPR/Cas9 para edição do genoma de feijão comum em genes importantes para FBN sob estresse hídrico

Tatiana Faria Maia¹; Rafael Sanches Pacheco²; Marcia Soares Vidal³; Jean Luiz Simões de Araújo³

¹Doutoranda em Biotecnologia Vegetal e Bioprocessos, UFRJ, tatiana.fariamaia@gmail.com; ²Pós Doutorando em Fitossanidade e Biotecnologia Aplicada, UFRRJ; ³Pesquisadores Embrapa Agrobiologia, marcia.vidal@embrapa.br; jean.araujo@embrapa.br

O feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) é capaz de estabelecer relações simbióticas com bactérias do gênero *Rhizobium* e promover o processo de fixação biológica do nitrogênio (FBN). No entanto, efeitos abióticos como o estresse hídrico diminuem a capacidade dessa leguminosa de fixar N₂, prejudicando o crescimento e a produtividade da planta. Recentemente, o sequenciamento em larga escala (NGS) permitiu identificar diversos genes potencialmente relacionados com a tolerância ao estresse hídrico. A utilização do sistema de edição denominado CRISPR/Cas9 para mutação desses genes abre possibilidades de obtenção de uma associação simbiótica mais eficiente, mesmo em condições adversas. O objetivo deste trabalho será utilizar a edição de genes da planta, expressos nos nódulos, para gerar mutantes com capacidade de manter a eficiência da FBN sob condições de estresse hídrico. Para a confirmação do padrão de expressão dos genes previamente selecionados, foi conduzido um experimento em casa de vegetação utilizando como substrato areia:vermiculita (2:1). As sementes de feijão comum (cultivar BAT 477) foram inoculadas com a estirpe CIAT 899 (*Rhizobium tropici*) no momento do plantio. Durante o experimento as plantas foram submetidas a dois regimes de disponibilidade hídrica: plantas com umidade plena e, um estresse hídrico moderado, por restrição hídrica de 96h, próximo ao ponto de murcha permanente. Os nódulos e as raízes foram coletados e utilizados para extração de RNA total dos tecidos vegetais. Após a avaliação do padrão de expressão dos genes expressos em condições de estresse hídrico via RT-qPCR, pelo menos três genes serão selecionados para edição utilizando o sistema CRISPR/Cas9 e transformação genética das plantas com os genes editados.

Palavras chave:

Phaseolus vulgaris; fixação biológica de nitrogênio; CRISPR.