

CLONAGEM DE GENES ENVOLVIDOS NA INTERAÇÃO COWPEA SEVERE MOSAIC VIRUS (CPSMV) E FEIJÃO-CAUPI

XXXVIII Encontro de Iniciação Científica

Joaquim Cesar do Nascimento Sousa Junior, José Tadeu Abreu de Oliveira, Murilo Siqueira Alves

A interação entre plantas e patógenos é um fenômeno complexo, permeado por mecanismos específicos de sinalização celular. Estudos sobre mecanismos moleculares de resistência têm buscado exaustivamente explicar como as plantas toleram diversos tipos de estresses bióticos, como os causados por vírus. Apesar da relevância para o melhoramento genético, a compreensão dos processos moleculares, bioquímicos e genéticos que modulam a interação entre plantas e patógenos ainda são escassos. Deste modo, visando compreender as vias moleculares de resposta envolvidas na interação do feijão-caupi com o vírus do Cowpea Severe Mosaic Virus (CPSMV), pesquisadores identificaram diversas proteínas diferencialmente expressas durante a interação de genótipos de feijão-caupi com o CPSMV, a partir do uso da técnica de proteômica livre de marcação (Label-Free Proteomics). Dando continuidade a estes trabalhos, o objetivo desta pesquisa consistiu em: isolar os genes GAMYB-binding protein-like, ACIN1-like, Peroxirredoxin BAS1-like, Peroxisomal oxidase 4-like e bZIP62-like de *Vigna unguiculata*, genótipo CE-31, a partir da amplificação das regiões codificadoras dos genes selecionados de *V. unguiculata*. A partir aplicação da técnica da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR), em conjunto com a realização de eletroforese em gel de agarose foi possível amplificar a região codificadora de DNA (CDS) 5 genes a partir do cDNA de *V. unguiculata*, cultivar CE-31, comprovando a expressão dos referidos genes no momento em que o RNA do cultivar foi extraído. A partir dos resultados obtidos foi possível atestar a expressão de todos os genes, genótipo CE-31, em cDNA de *V. unguiculata*, necessários para a realização do trabalho. Também foi possível determinar as condições ideais para a amplificação específica dos amplicons correspondentes aos CDS alvo, com os tamanhos em pares de bases de acordo com o esperado, baseado nos CDS de espécies filogeneticamente próximas (*Vigna angularis* e *Phaseolus vulgaris*).

Palavras-chave: Estresse biótico. Expressão diferencial. PCR. Amplicon.