

EXPRESSÃO DOS GENES *BAHD1* E *BAHD5*, RELACIONADOS COM A DIGESTIBILIDADE DA BIOMASSA, EM MILHO L3^(*)

Rayanne Pereira de Oliveira⁽¹⁾, Kamila Ellen Souza de Oliveira⁽²⁾, Matheus Carlos Valinhas⁽³⁾, Sylvia Moraes de Sousa⁽⁴⁾, Andrea Almeida Carneiro⁽⁵⁾ e Newton Portilho Carneiro⁽⁶⁾

Palavras-chave: Expressão gênica, feruloilação, parede celular, recalcitrância da biomassa, *Zea mays*.

No milho, a parede celular contém os ácidos *p*-cumárico (*p*-CA) e ferulato (ácido 4-hidroxi-3-metoxi-cinâmico), que são unidos por ligações cruzadas com a lignina e com proteínas estruturais da parede. Nestas ligações, o ferulato inibe a digestão e a liberação de açúcares fermentáveis, impedindo o acesso enzimático e ligando fortemente o substrato polissacarídico à lignina não digerível. Esta conformação confere recalcitrância à hidrólise enzimática nas gramíneas, com diminuição da digestibilidade da biomassa. Estudos identificaram que membros de uma família de acetiltransferases específica de plantas, o *Bahd1* e o *Bahd5*, apresentam relação com o controle da recalcitrância da biomassa. Para verificar a expressão desses genes no genótipo de milho tropical L3 ao longo do desenvolvimento da planta, foi feita a quantificação da expressão dos genes *ZmBahd1* e *ZmBahd5* via RT-qPCR utilizando oligonucleotídeos específicos de cada um dos genes *Bahd* e o gene tubulina, como controle endógeno. O RNA total foi extraído de folhas das plantas de milho crescidas em campo em três fases do crescimento, aos 30, 60 e 90 dias após a germinação (DAG), com o kit Plant RNeasy (Qiagen). Para a síntese do cDNA foi utilizado 1 µg do RNA total, previamente tratado com DNase I, e o kit High Capacity cDNA Reverse Transcription (Applied Biosystems, Foster City, CA). As reações de qPCR foram conduzidas no equipamento 7500 Fast RealTime PCR System (Applied Biosystems, Foster City, CA) utilizando o kit Fast SYBR® Green Master Mix (Applied Biosystems, Foster City, CA), seguindo as recomendações do fabricante. As análises relevaram que a expressão do gene *ZmBahd1* no genótipo de milho L3 aumenta à medida que o estágio de desenvolvimento avança, chegando ao maior nível de expressão aos 90 DAG, quando a expressão do gene está vinte vezes maior que aos 30 DAG. Em contrapartida, a expressão do gene *ZmBahd5* sofreu variações menos significativas, sendo maior aos 60 DAG. Para este gene, a expressão aumenta três vezes mais entre 30 e 60 DAG e diminui um terço aos 90 DAG, em comparação com a análise anterior. Estes resultados sugerem que o gene *ZmBahd1* pode estar envolvido com o processo de lignificação de modo mais ativo que o *ZmBahd5*, por causa das variações ao longo do desenvolvimento do milho. No final do ciclo é esperado que a expressão para o *ZmBahd1* seja mais alta, uma vez que o processo de lignificação está mais acentuado e a parede celular está mais rígida, em comparação com plantas mais jovens. Estudos sobre a digestibilidade da biomassa estão sendo conduzidos com o genótipo L3 a fim de validar a relação dos genes *Bahd1* e *Bahd5* na recalcitrância da biomassa do milho.

* Fonte financiadora: Embrapa e Fundação de Amparo à Pesquisa e Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes)

⁽¹⁾ Bióloga, Bolsista DTI, Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas - MG. E-mail: rayanne.pereira@hotmail.com

⁽²⁾ Engenheira agrônoma, Doutoranda em Bioengenharia, Universidade Federal de São José del-Rei (UFESJ), Sete Lagoas-MG



⁽³⁾ Biólogo, Bolsista Iniciação Científica, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte-MG

⁽⁴⁾ Bióloga, Pesquisadora, Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas-MG

⁽⁵⁾ Bióloga, Pesquisadora da Embrapa Milho e Sorgo Sete Lagoas-MG

⁽⁶⁾ Biólogo, Pesquisador da Embrapa Milho e Sorgo Sete Lagoas-MG. E-mail: newton.carneiro@embrapa.br