

Sequenciamento e avaliação da expressão gênica de *Urochloa decumbens* (Stapf) R.D. Webster sob estresse por alumínio

Primeiro autor: Bruno Ferreira dos Santos

Demais autores: Santos, B. F.^{1*}; Vilela, M. M.²;

Chiari, L.³; Laura, V. L.³

Resumo

O alumínio presente em solos ácidos é tóxico para as plantas, causando diminuição da produtividade agrícola. *Urochloa decumbens* cv. Basilisk destaca-se entre as cultivares forrageiras pela elevada tolerância ao alumínio. O objetivo deste trabalho foi obter o transcriptoma de raízes dessa cultivar sob estresse por alumínio e avaliar genes diferencialmente expressos em genótipos contrastantes usando RT-qPCR. Plântulas da cultivar foram submetidas às condições com e sem alumínio, em hidroponia, por 8 horas. O experimento foi inteiramente casualizado com três repetições de 30 plântulas cada. O RNA das raízes foi extraído e as bibliotecas de cDNA obtidas foram sequenciadas em Illumina HiSeq™2000. Aproximadamente 40 Gb de dados foram gerados e, por montagem de novo usando Trinity, resultaram em 113.918 unigenes. Pelo banco de dados não redundante de proteínas do NCBI, 63% dos unigenes puderam ser anotados por homologia com proteínas descritas, sendo 29,7% com similaridade ao *Sorghum bicolor*. Foram obtidos 6.698 genes diferencialmente expressos, 3.637 up e 3.061 down regulados, destacando-se genes da biossíntese de metabólitos secundários (16,9%) e do ciclo do citrato (4,16%). Potenciais marcadores

(1) Mestrando em Biologia Vegetal do Programa de Pós-Graduação da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul – UFMS, biobruno.f@gmail.com. (2) Analista da Embrapa Gado de Corte. (3) Pesquisador da Embrapa Gado de Corte. * Autor correspondente.

moleculares foram identificados, 17.375 microssatélites e 315.573 polimorfismos de base única (SNPs). A análise de genômica comparativa entre *U. decumbens* e outras gramíneas com genoma sequenciado revelou maior similaridade com *Setaria itálica*, outra forrageira C4. Para as análises de expressão gênica em RT-qPCR, seis genes de referência foram testados e quatro mostraram-se excelentes controles endógenos. Dez genes diferencialmente expressos foram selecionados e serão avaliados em dois genótipos contrastantes em quatro tempos de exposição ao alumínio (8, 24, 48 e 72 horas). Esse trabalho trouxe informações importantes e novas sobre o genoma dessa espécie forrageira e, apesar dos resultados de expressão diferencial serem preliminares, certamente contribuirá para o entendimento dos mecanismos envolvidos na tolerância dessa espécie ao alumínio, auxiliando os programas de melhoramento genético.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, Fundect, CNPq, CAPES e Unipasto.