



2º WORKSHOP

Melhoramento Vegetal

Contribuições, Avanços e Perspectivas para o Cerrado Brasileiro
- 14 a 16 de junho de 2016 | Campo Grande, MS -

Classes de genes de resistência expressos por *Urochloa decumbens* cv. Basilisk e outras seis espécies de Poaceae

BAVARESCO JR., R. (1); DA SILVA, R. C. (1); CAMPANARI, M. F. Z. (1); SACHELARIDE, A. P. F. (1); SATO, S. E. G. (1); OLIVEIRA, A. S. (1); PRATES, P. K. (1); CHIARI, L. (2); PEREIRA, R. M. (1)*

(1) Universidade Federal da Grande Dourados, Laboratório de Metagenômica

(2) EMBRAPA – Gado de Corte

*Autor para correspondência: rodrigopereira@ufgd.edu.br

O *Urochloa decumbens* cv. Basilisk é uma forrageira utilizada devido a sua tolerância a solos com alto teor de alumínio e baixa fertilidade, além de rápido estabelecimento. As forrageiras são constantemente atacadas por outros organismos e possuem, assim, mecanismos pré-formados e induzíveis de autodefesa, que estão relacionados a genes de resistência (Genes R). Esses genes têm papel fundamental no reconhecimento de proteínas específicas expressadas por genes de avirulência (Avr) e podem ser distribuídas em classes que apresentam diferentes mecanismos moleculares, sendo as principais, CNLs, TNLs, RLPs e RLKs. Assim, o objetivo do trabalho foi descobrir os genes de resistência expressos por *U. decumbens* que sejam comuns aos genes de resistência de outras gramíneas. Foi realizado um estudo do transcrito de *U. decumbens* através do sequenciamento Illumina. As sequências foram tratadas e anotadas, e então, organizadas em um banco de dados. Em seguida, retribuíram-se sequências de transcrito primário das gramíneas *Setaria italica*, *Sorghum bicolor*, *Brachypodium distachyon*, *Zea mays*, *Panicum virgatum* e *Oryza sativa* do banco de dados Phytozome, organizando-as em um banco de dados local através de SQL. Realizou-se o BlastAll de todas as plantas contra o banco de genes de resistência, PRGDB. As sequências encontradas foram separadas em sequências comuns às espécies e sequências exclusivas à *U. decumbens*. Encontraram-se 404 genes R exclusivos à *U. decumbens*, dos quais 151 foram anotados pela metodologia. Dos genes R comuns a outras plantas, foram encontrados 346 genes, dos quais 104 receberam anotação. Os genes R anotados exclusivos à *U. decumbens* se dividiram nas seguintes classes: 28% NL; 26% RLP; 15% CNL; 14% N; 4% CN; 4% RLK-GNK2; 3% Mlo-like; 3% TNL e 1% de outras classes. Foi possível observar que os 104 genes anotados comuns à *U. decumbens* e outras espécies da família Poaceae, se dividiram nas seguintes classes: 22% RLP; 19% NL; 17% CNL; 14% N; 11% TNL; 6% CN; 4% RLK-GNK2; 3% T e 3% outras classes. Adicionalmente, para complementar este trabalho se faz necessário uma anotação manual das sequências que não puderam ser anotadas automaticamente.

Palavras-chave: Gramíneas, genes R, *datamining*.

Parceria/Apoio financeiro: EMBRAPA - Gado de Corte, UFGD, FUNDECT.

Realização:



Patrocínio:



MONSANTO



NOVILHO PRECOCE-MS



SBMP



SINDICATO RURAL



SEPAF



GOVERNO DO ESTADO



GOVERNO DO ESTADO



GOVERNO DO ESTADO



GOVERNO DO ESTADO



GOVERNO DO ESTADO



GOVERNO DO ESTADO



GOVERNO DO ESTADO



GOVERNO DO ESTADO



GOVERNO DO ESTADO



GOVERNO DO ESTADO



GOVERNO DO ESTADO



GOVERNO DO ESTADO



GOVERNO DO ESTADO



GOVERNO DO ESTADO



GOVERNO DO ESTADO