

Análise bioinformática do transcritoma de *Panicum maximum* Jacq. em resposta ao déficit hídrico

Primeiro autor: Leonardo Rippel Salgado

Demais autores: Salgado, L. R.^{1}; Chiari, L.²; Jank, L.²; Santos, M. F.²*

Resumo

Entre as principais espécies forrageiras tropicais utilizadas nas pastagens brasileiras, *Panicum maximum* merece destaque devido a sua alta produtividade e qualidade de forragem. Entretanto, as cultivares disponíveis desta espécie apresentam acentuada redução de produtividade nos períodos de seca e veranicos. Neste projeto, a técnica de RNA-Seq foi utilizada para obter o transcritoma de folhas de *P. maximum* sob diferentes condições de estresse para buscar elucidar os mecanismos de tolerância relacionados à resposta a este estresse. Para tanto, foi conduzido um ensaio de estresse hídrico com os genótipos c10 (tolerante) e HBRS 1 (sensível) por oito dias com dois níveis hídricos (controle e estresse) e quatro pontos de coletas (controle, 1, 4 e 8 dias), usando um delineamento inteiramente casualizado com três repetições. Os cDNAs obtidos a partir da extração dos RNAs em triplicata dos dois genótipos foram sequenciados em sequenciador Illumina HiSeq2500. As bibliotecas foram preparadas para sequenciamento do tipo *pair end* (101 bp) com uma cobertura desejada de 8 milhões de *reads* por biblioteca. Após *demultiplexing*, os arquivos no formato *.fastq* foram utilizados como entrada para montagem do transcritoma utilizando dife-

(1) Bolsista de Desenvolvimento Científico Regional – FUNDECT/CNPq, leonardo.salgado@colaborador.embrapa.br. (2) Pesquisador da Embrapa Gado de Corte. * Autor correspondente.

rentes configurações do software Trinity RNA-Seq *De novo* Assembler e depois compilados em um transcrito abrangente pelo *Evidential-Gene Transcript Assembly Software*. O transcrito abrangente foi gerado a partir de cinco outras montagens resultando em um total de 60,701 transcritos e 61,576 sequências de aminoácidos. A partir destes transcritos obteve-se 12.605 marcadores microssatélites variando em tamanho do motivo de uma até seis repetições. Este é um trabalho em andamento, que culminará com a identificação de genes diferencialmente expressos em resposta ao déficit hídrico. No entanto, com os resultados obtidos até o momento disponibiliza-se um grande número de marcadores moleculares do tipo SSR, que após validados, podem ser usados amplamente nos programas de melhoramento genético de cultivares de *Panicum maximum* e espécies geneticamente próximas.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, Fundect, CNPq.