

GENES EXPRESSOS CONSERVADOS EM GENÓTIPOS DE ARROZ TOLERANTE E SUSCETÍVEL À SECA

Millene Gomes¹, Ricardo Silveira², Anna Cristina Lanna³, Rosana Pereira Vianello³, João Antônio Mendonça³, Claudio Brondani³

¹Uni-Anhanguera. ²IF Goiano; ³Embrapa Arroz e Feijão. *E-mail do autor para correspondência: claudio.brondani@embrapa.br.

O desenvolvimento de cultivares de arroz de terras altas mais tolerantes a episódios de seca (veranicos) é um desafio premente dos programas de melhoramento, principalmente devido a projeções de mudanças climáticas globais. O objetivo desse trabalho foi identificar genes diferencialmente expressos (GDEs) envolvidos na tolerância à seca de duas cultivares de arroz de terras altas da subespécie Japônica, a Douradão, tolerante, e Primavera, suscetível. Foram conduzidos dois experimentos em casa-de-vegetação, em anos consecutivos, onde foi aplicada a deficiência hídrica no estágio reprodutivo R3. O delineamento foi em blocos casualizados com seis repetições por regime hídrico (com e sem déficit). Para a análise de transcriptoma, amostras de folhas no último dia de restrição hídrica foram utilizadas para extração do RNA. Foram desenvolvidas 8 bibliotecas de cDNA (2 genótipos x 2 regimes hídricos x 2 anos) para o sequenciamento de RNA (RNA-seq) no BGI (Beijing Genomics Institute). Os genes diferencialmente expressos foram identificados, posicionados no genoma de referência de arroz Nipponbare, anotados por BLAST, classificados por termos enriquecidos de gene ontology, e posicionados em rotas metabólicas pelo banco de dados KEGG. A comparação das bibliotecas obtidas para Douradão avaliado no Ano 1 apresentou o menor número de GDEs (907), enquanto que a comparação das bibliotecas de Douradão avaliado no Ano 2 apresentou o maior número de GDEs (2928). Do total de 7006 GDEs obtidos de Douradão e Primavera avaliados nos dois anos de experimento, 343 foram comuns, e destes, 39 genes foram distribuídos em mais de uma das 31 rotas metabólicas identificadas, sendo as mais abundantes a *Plant pathogen interaction*, com sete genes, e *Plant hormone signal transduction*, *Protein processing endoplasmic reticulum* e *Starch and sucrose metabolism*, com seis genes cada. O gene da enzima acetyl-CoA acetyltransferase foi encontrado em sete rotas metabólicas. A importância desse gene para o desenvolvimento de plantas de arroz mais tolerantes à seca, juntamente com os demais genes conservados, abrirá novas perspectivas para o desenvolvimento de cultivares de arroz mais tolerantes à seca.

Palavras-chave: RNA-seq, transcriptoma, rotas metabólicas.

Agradecimentos: Embrapa Arroz e Feijão e CNPq.