

Documentos

68

**Anais da 10ª Jornada Científica
Embrapa São Carlos**



10ª Jornada Científica

Embrapa - São Carlos/SP

ISSN 1518-7179

Junho, 2018

*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Instrumentação
Embrapa Pecuária Sudeste
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento*

Documentos 68

**Anais da 10ª Jornada Científica
Embrapa São Carlos**

Editores Técnicos

Daniel Souza Corrêa

Elaine Cristina Paris

Maria Alice Martins

Paulino Ribeiro Villas Boas

Wilson Tadeu Lopes da Silva

Embrapa Instrumentação
São Carlos, SP
2018

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

Embrapa Instrumentação
Rua XV de Novembro, 1452
Caixa Postal 741
CEP 13560-970 São Carlos, SP
Fone: (16) 2107 2800
Fax: (16) 2107 2902
www.embrapa.br
www.embrapa.br/fale-conosco/sac

Unidade responsável pelo conteúdo e edição
Embrapa Instrumentação

Comitê de Publicações
Presidente
Wilson Tadeu Lopes da Silva
Secretária-executiva
Maria do Socorro Gonçalves de Souza Monzane
Membros
Carlos Renato Marmo
Cíntia Cabral da Costa
Cristiane Sanchez Farinas
Elaine Cristina Paris
Maria Alice Martins
Paulo Renato Orlandi Lasso
Normalização bibliográfica
Maria do Socorro Gonçalves de Souza Monzane
Imagem da capa
Thiago Benite
Capa, editoração eletrônica e
tratamento das ilustrações
Valentim Monzane

1ª edição

1ª impressão (2018): 100 exemplares

Todos os direitos reservados

A reprodução não-autorizada desta publicação, no todo ou em parte,
constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.610).

Dados internacionais de Catalogação na publicação (CIP)
Embrapa Instrumentação

J82a Jornada científica Embrapa – São Carlos, SP.
Anais / editores técnicos, Daniel Souza Corrêa, Elaine Cristina Paris, Maria Alice Martins,
Paulino Ribeiro Villas Boas, Wilson Tadeu Lopes da Silva. – São Carlos: Embrapa
Instrumentação: Embrapa Pecuária Sudeste, 2018.
90 p.; 21x29cm – (Embrapa Instrumentação. Documentos, ISSN 1518-7179; 68).

1. Jornada científica – Evento. I. Corrêa, Daniel Souza. II. Paris, Elaine Cristina. III. Martins,
Maria Alice. IV. Villas Boas, Paulino Ribeiro. V. Silva, Wilson Tadeu Lopes. VI. Título. VII. Série.

CDD 21 ED 500

© Embrapa 2018

Obtenção de dados de transcriptoma de *Paspalum* submetido à seca

Joyce Etsuko Arakaki¹; Wilson Malagó Junior²; Mauricio De Alvarenga Mudadu³, Patricia Menezes Santos⁴, Alessandra Pereira Fávero⁵, Ricardo Carneiro Borra⁶, Bianca Baccili Zanotto Vigna⁷

¹Aluna de mestrado em Genética Evolutiva e Biologia Molecular, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, SP.

^{2,4,5,7}Pesquisador(a) da Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP; bianca.vigna@embrapa.br

³Pesquisador da Embrapa Informática Agropecuária, Campinas, SP

⁶Professor Adjunto do do Departamento de Genética e Evolução, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, SP.

O gênero *Paspalum* é um dos mais importantes da família Poaceae nas Américas. No Brasil, são encontradas 213 espécies em diferentes ecossistemas e condições ecológicas. Diversas espécies são utilizadas como forragem e como cobertura vegetal e, apesar da grande diversidade disponível no Brasil, o seu uso ainda é pequeno. Estudos de transcriptômica e expressão gênica diferencial em vegetais em condições de déficit de água revelam mecanismos de regulação transcricional e potenciais genes envolvidos na resposta à seca, tornando possível a transformação de *Paspalum* e de outras plantas de interesse comercial, como já realizado em *P. notatum* e em milho. O objetivo do projeto é avaliar acessos de *Paspalum* quanto ao potencial para tolerância a estresse hídrico, com o estudo do perfil de expressão gênica em resposta ao estresse. Neste trabalho apresentamos as etapas iniciais: o desafio hídrico realizado, a coleta de folhas e raízes, a extração de RNA total e o sequenciamento do mRNA. Dez acessos de *Paspalum*, cinco de porte baixo e cinco de porte alto, foram selecionados de acordo com características climáticas contrastantes em relação à disponibilidade e demanda hídrica do local de origem e coleta do genótipo. O experimento foi realizado em casa de vegetação da Embrapa Pecuária Sudeste, de modo que três vasos de cada acesso (A, B e C), e três réplicas de cada tecido (raiz e folha) foram coletados. As coletas foram realizadas em quatro pontos: um ponto zero (T0) sem restrição hídrica, dois pontos com restrição hídrica (T1 e T2) com diferentes teores de água no solo, e um ponto com reidratação (T3), totalizando 360 amostras para o porte alto e 360 para porte baixo. A partir de análises do comportamento fisiológico frente ao desafio, foram escolhidos dois genótipos contrastantes, que apresentaram respostas diferentes ao déficit hídrico, para a análise do transcriptoma: *P. notatum* BGP 216 e *P. vaginatum* BGP 114. A extração de RNA total das folhas e raízes foi realizada conforme o “RNeasy Plant Mini Kit” (QIAGEN) e as amostras foram armazenadas em freezer -80°C. A quantificação e pureza do RNA total foram analisadas por espectrofotometria no Nanodrop-1000 e a integridade foi verificada por eletroforese em gel de agarose 1%. Devido à disponibilidade orçamentária, somente as amostras de folhas dos acessos selecionados, nos tempos T0 e T1, foram sequenciadas utilizando a tecnologia de Sequenciamento de Nova Geração (NGS – *Next Generation Sequencing*) em equipamento HiSeq 2500 (Illumina) com kit Kit HiSeq-V4 e leituras 2x100 bp do tipo *paired-end* por serviço contratado. Foram obtidos cerca de 80 milhões de reads por amostra e uma montagem inicial identificou 312.975 transcritos usando o software Trinity. Os dados serão analisados por ferramentas de bioinformática para caracterizar a qualidade da montagem dos contigs e das replicatas de coleta, além das análises de expressão diferencial e anotação funcional. A caracterização e classificação destes acessos quanto à sua estratégia de tolerância ao estresse hídrico e o melhor entendimento dos mecanismos moleculares e fisiológicos envolvidos poderão contribuir para a identificação de genes de interesse e para o desenvolvimento de novas cultivares melhor adaptadas aos diferentes cenários e mudanças climáticas globais.

Apoio financeiro: Embrapa

Área: Ciências Biológicas

Palavras-chave: *Paspalum*, RNA-Seq, Forrageiras, Estresse hídrico, Seca