

BAHD5 – Novo gene-alvo para aumento de sacarose em gramíneas

Bruno Leite Sampaio¹, Karoline Estefani Duarte², Wagner Rodrigo de Souza³, Felipe Vinecky⁴, Henrique de Oliveira Amaral⁵, Daniel Nogoceke Sifuentes⁶, Bárbara Andrade Dias Brito da Cunha⁷, Adilson Kenji Kobayashi⁸, Patrícia Abrão de Oliveira Molinari⁹, Hugo Bruno Correa Molinari¹⁰

Resumo

Setaria viridis é uma gramínea C4 que vem sendo utilizada pelo grupo de Biotecnologia Vegetal da Embrapa Agroenergia como planta modelo para o estudo do silenciamento de genes relacionados a enzimas aciltransferases (AT), mais especificamente os genes *BAHD1* e *BAHD5* (*SvBAHD01* e *SvBAHD05*). O silenciamento dos genes *BAHD* visa reduzir a recalcitrância em gramíneas com interesse comercial, principalmente a cana-de-açúcar, uma vez que se acredita que as AT estão ligadas ao processo de *cross-linking* de derivados hidroxicinâmicos (DHC) na parede celular. Como um efeito secundário ao silenciamento desses genes em *S. viridis*, observaram-se nas plantas geneticamente modificadas (GM) diferenças na proporção de alguns metabólitos solúveis (acúmulo de flavonoides), o que motivou a realização de um estudo metabolômico comparativo para avaliar diferenças entre os perfis metabólicos de plantas de *S. viridis* controle (não transformadas – NT) e geneticamente modificadas, com os genes-alvos silenciados (*BAHD1* – dois eventos transgênicos: 17.3 e 18.1; e *BAHD5* – três eventos transgênicos: 1.1, 2.1 e 3.1). Extratos de folha e colmo de plantas controle NT e eventos *BAHD1* e *BAHD5* foram analisados por HPLC-HRMS e HPAEC-PAD (quantificação de carboidratos solúveis) e os dados obtidos foram submetidos à análise estatística uni e multivariada. Os resultados oriundos da análise por HPLC-HRMS indicaram variações nas proporções de alguns metabólitos entre plantas controle NT e GM, sendo que a maior diferença no perfil metabólico foi observada para os eventos *BAHD5*. A etapa de desreplicação dos extratos aliada à análise quimiométrica permitiu identificar a sacarose como o principal metabólito discriminante nos eventos *BAHD5* e os resultados da análise de quantificação de carboidratos solúveis demonstraram um aumento estatisticamente significativo no acúmulo de sacarose na folha (Ev. 1.1 = 52,94%; Ev. 3.1 = 85,19%) e no colmo (Ev. 1.1 = 95,80%; Ev. 2.1 = 96,22%; Ev. 3.1 = 94,05%) de *S. viridis* para os eventos *BAHD5* em comparação ao controle NT. Os resultados aqui apresentados demonstram pela primeira vez que um gene não relacionado diretamente com o metabolismo da sacarose pode ser um alvo interessante e viável para aumentar a produção desse açúcar em gramíneas, em especial nas espécies exploradas comercialmente e cujo principal produto é a sacarose e/ou seus derivados, como a cana-de-açúcar, por exemplo. Por fim, o potencial de aplicação dessa estratégia biotecnológica em cana-de-açúcar e outras gramíneas pode representar um aumento expressivo na produção de sacarose com um consequente impacto econômico positivo sobre toda a cadeia produtiva.

Auxílio Financeiro: Embrapa (SEG 02.12.01.008.00.00).

Palavras-chave: gramíneas. perfil metabólico. acúmulo de açúcar.

¹ Farmacêutico, doutor em Ciências, Embrapa Agroenergia, bruno.leite@colaborador.embrapa.br.

² Bióloga, doutora em Biotecnologia Vegetal, Embrapa Agroenergia, karoline.duarte@colaborador.embrapa.br.

³ Químico, doutor em Ciências, Embrapa Agroenergia, wagner.souza@colaborador.embrapa.br.

⁴ Agrônomo, doutor em Biologia Molecular, Embrapa Agroenergia, felipe.vinecky@colaborador.embrapa.br.

⁵ Graduando em Farmácia, Universidade de Brasília, henrique.amaral@colaborador.embrapa.br.

⁶ Biólogo, doutor em Biologia Animal, analista da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, daniel.sifuentes@embrapa.br.

⁷ Bióloga, mestre em Botânica, analista da Embrapa Agroenergia, barbara.dias@embrapa.br.

⁸ Agrônomo, doutor em Fitopatologia, pesquisador da Embrapa Agroenergia, adilson.kobayashi@embrapa.br.

⁹ Farmacêutica, doutora em Química, pesquisadora da Embrapa Agroenergia, patricia.oliveira@embrapa.br.

¹⁰ Agrônomo, doutor em Agronomia, pesquisador da Embrapa Agroenergia, hugo.molinari@embrapa.br.