



10° CBMP

CONGRESSO BRASILEIRO DE
MELHORAMENTO DE PLANTAS

ÁGUAS DE LINDÓIA/SP | 2019

28 A 31
JULHO
2019

TEMA:
PESQUISA E
INOVAÇÃO
PARA O
DESENVOLVIMENTO
DA **SOCIEDADE**

ANÁLISE DE RNASeq de GENES RESPONSIVOS AO DÉFICIT HÍDRICO NA FASE REPRODUTIVA DA SOJA

Camila Ronchi Macedo¹; Renata Fuganti-Pagliarini²; Juliana Marcolino-Gomes²; Mayla Daiane Corrêa Molinari¹; Daniel de Amorim Barbosa¹; Juliana da Rosa¹; Silvana Regina Rockenbach Marin³; Liliane Marcia Mertz-Henning³; Elíbio Leopoldo Rech Filho⁴; Alexandre Lima Nepomuceno^{3*}

¹Doutorado na Universidade Estadual de Londrina – UEL, Londrina PR; ²Pós Doutorado CNPq/Embrapa Soja, Londrina PR; ³ Embrapa Soja, Londrina PR; ⁴Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília DF.

*caronchi2020@gmail.com

Palavras-chave: Soja; Déficit Hídrico; Transcriptoma.

A seca é o principal fator abiótico que provoca reduções de rendimento em culturas como a soja. Estudos buscam compreender a complexa rede de respostas vegetais nesta condição, usando ferramentas como a análise do transcriptoma via RNAseq. O período mais crítico à cultura é quando o déficit ocorre na fase reprodutiva e influencia no abortamento de órgãos. O objetivo deste trabalho foi realizar a análise ontológica (GO: *Gene Ontology*) via *Singular Enrichment Analysis* (SEA) em biblioteca de RNASeq de genes de flores e legumes de soja sob déficit hídrico visando genes associados ao abortamento e fertilidade. Plantas da cultivar BR 16 (sensível à seca) foram cultivadas em casa de vegetação, em delineamento de blocos ao acaso, com 9 repetições e arranjo fatorial 2x2, duas condições hídricas (Déficit hídrico – DH, Controle - C), e dois pontos de coleta, R2 (coleta de flores) e R4 (coleta de vagens). As plantas do grupo controle permaneceram com 70% de U.G durante todo o período de cultivo, enquanto que as plantas do tratamento de déficit hídrico foram submetidas à partir do estágio V8 a suspensão da irrigação até atingirem condutância estomática entre 200 e 150 mmol H₂O m⁻² s⁻¹ que é considerado como déficit hídrico moderado, foi estimada a % de U.G dos vasos do tratamento DH e então mantidos nesta umidade durante todo o período reprodutivo. As amostras de tecidos de flores no estágio R2 e vagens no estágio R4 dos tratamentos DH e C foram coletadas, extraído o RNA total e encaminhado para sequenciamento pela plataforma Illumina. O pipeline de bioinformática foi composto inicialmente pela concatenação e compilação das bibliotecas, análise de qualidade dos dados, análises de alinhamento, mapeamento e anotação gênica das bibliotecas. Foram considerados genes diferencialmente expressos (GDEs) aqueles que apresentaram log₂FC entre ≥-2 e ≤+2. Sob déficit hídrico, observou-se a redução das trocas gasosas e taxa de crescimento, além da redução do número médio de flores por planta. Foi utilizada a Plataforma agriGO v2.0 para as análises GO via *Singular Enrichment Analysis* (SEA) dos genes diferencialmente expressos nas bibliotecas de flores e legumes. Os resultados obtidos mostraram, em flores, categorias de processo biológico como resposta de defesa, resposta a estresses, genes de modificação de parede celular e de sinalização molecular. Estruturas da parede celular estão associadas tanto à expansão quanto à desestabilização dessa parede. Assim, esses genes diferencialmente expressos podem estar sendo fundamentais na modulação da integridade da parede celular sob déficit osmótico em órgãos reprodutivos. Em legumes, a categoria de função molecular para atividade catalítica de oxidação foi significativamente enriquecida, com ênfase para *up*-regulação de catecol oxidase. Esses resultados contribuem para o entendimento sobre os mecanismos de resposta à seca na fase reprodutiva da soja.

Agradecimentos: Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e ao INCT-BioSyn (Instituto Nacional de Biologia Sintética da Ciência e Tecnologia).