

Análise *in silico* de genes diferencialmente expressos em genótipos de arroz (*Oriza sativa*) contrastantes para a tolerância à seca

Rabello, FR.¹; Sato, JH¹; Schmidt, AB.²; Rangel, PHN.³; Guimarães, CM.³; da Silva, FR.²; Ferreira, ME.²; Mehta, A²

¹ Universidade de Brasília, UnB; ² Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Cenargen; ³ Embrapa Arroz e Feijão
amehta@cenargen.embrapa.br

Palavras-chave: arroz (*Oriza sativa*), tolerância, genes, biblioteca subtrativa

Estresses abióticos, como a seca, podem reduzir significativamente o rendimento de lavouras. Como previsões ambientais indicam um aquecimento global para as próximas décadas, situações de seca, muito provavelmente, acompanharão este evento. Assim, o desenvolvimento de novos genótipos de plantas mais tolerantes a períodos prolongados de déficit hídrico será essencial para que a agricultura continue suprindo a crescente população mundial. A identificação e a compreensão dos mecanismos de tolerância à seca são fundamentais no desenvolvimento de novas cultivares comerciais mais tolerantes ao déficit hídrico. A expressão diferencial de genes em genótipos tolerantes pode ser usada para o estudo desses mecanismos de tolerância. O arroz (*Oriza sativa*) é um cereal de grande importância econômica e social, consumido diariamente por mais da metade da população mundial, porém a falta de água é um fator limitante à sua produção. Para o estudo dos genes envolvidos na tolerância a seca em arroz, foi construída uma biblioteca subtrativa de parte aérea de genótipo suscetível (Soberano) ao déficit hídrico e as seqüências obtidas (359 *reads* e 202 *clusters*) foram comparadas às obtidas da biblioteca subtrativa de cDNA do genótipo tolerante (Curinga). As seqüências destas bibliotecas foram submetidas a uma subtração eletrônica, permitindo a identificação de genes exclusivamente expressos em cada um dos genótipos analisados. Entre os genes expressos apenas na biblioteca do genótipo tolerante estão *Metallothionein-like protein 3B*, *S-adenosylmethionine decarboxylase 2*, *Putative catalase*, entre outros. Os genes *wall-associated protein kinase*, *small Ras-related GTP-binding protein* foram observados apenas no genótipo suscetível. Esses genes diferencialmente expressos podem ter papel importante na resposta e adaptação ao estresse hídrico. Foi também observada uma grande quantidade de proteínas hipotéticas, que precisam ser investigadas em estudos futuros para determinar seu possível envolvimento na tolerância a seca.

Apoio Financeiro: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Cenargen.