

# Expressão diferencial de genes potencialmente envolvidos na tolerância à seca pela análise de bibliotecas subtrativas de cDNA de arroz (*Oryza sativa*)

Sato, JH<sup>1</sup>; Rabello, FR<sup>1</sup>; Schmidt, AB<sup>2</sup>; Rangel, PHN<sup>3</sup>; Guimarães, CM<sup>3</sup>; da Silva, FR<sup>2</sup>; Ferreira, ME<sup>2</sup>; Mehta, A<sup>2</sup>

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

**Palavras-chave:** *Oryza sativa*, estresse hídrico, cDNA, tolerância à seca

O arroz é um cereal de grande importância social e econômica, sendo um dos principais alimentos da dieta humana. Com o crescente aumento da população mundial e a necessidade de aumento da produtividade das lavouras, há o interesse em desenvolver novas cultivares comerciais que sejam tolerantes aos problemas mais comuns durante o cultivo. Estresses abióticos como a deficiência hídrica em fases importantes do desenvolvimento da cultura afetam a produtividade, influenciando no crescimento das plantas e reduzindo o rendimento da lavoura. As respostas ao déficit hídrico podem ser fisiológicas, morfológicas ou de desenvolvimento. Após a percepção do estresse, a planta desencadeia uma série de processos que levam à transcrição de genes responsáveis pela tolerância à seca. O objetivo deste estudo foi identificar genes potencialmente envolvidos com a tolerância ao estresse hídrico através da análise da expressão diferencial em genótipo de arroz tolerante à seca (Curinga). Plantas deste genótipo foram cultivadas em boas condições hídricas em casa de vegetação até o início da floração. Após este período, as plantas foram submetidas a dois tratamentos hídricos, sendo que o primeiro correspondeu à reposição de 100% da água evapotranspirada (condição controle), e o segundo à aplicação de um estresse hídrico, com reposição diária de 50% da água evapotranspirada (condição de estresse). Foi realizada extração de RNA de parte aérea e raiz de plantas estressadas e irrigadas utilizando Concert™ Plant RNA Purification Reagent (Invitrogen). A síntese de cDNA e a construção de bibliotecas subtrativas foi realizada com o Kit PCR Select Subtraction Kit (Clontech, USA). Foi obtido um total de 335 *reads* de 30 pb a 700 pb, com Phred >20, que foram agrupados em 92 *clusters*. O *cluster* mais populoso, formado por 66 *reads* apenas da biblioteca de raiz, mostrou similaridade com a *ADP-ribosylation factor* (evalue = 9e-50). Genes relacionados com o déficit hídrico também foram encontrados como a *S-adenosylmethionine decarboxylase 2*, *Cysteine proteinase inhibitor* e a *CCR4-Not transcription complex*. Os genes candidatos estão sendo submetidos a mapeamento genético e co-localização com QTLs de tolerância à seca.

Apoio financeiro: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.