

Doutorado em Biotecnologia Vegetal

## **RNA-Seq em *Coffea arabica*: genes candidatos em condições de estresse abiótico**

Luana Ferreira Torres - Pesquisadora INCT Café – INOVA Café, Campus UFLA/ Lavras – MG

Eveline Déchamp - Pesquisadora CIRAD, UMR IPME, Montpellier, FR

Gabriel Sérgio Costa Alves - Pesquisador EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília - DF

Pierre Marraccini - Pesquisador CIRAD, UMR AGAP, Montpellier, FR

Hervé Etienne - Pesquisador CIRAD, UMR IPME, Montpellier, FR - Orientador(a)

Alan Carvalho Andrade - 6Pesquisador EMBRAPA Café – INOVA Café, Campus UFLA/ Lavras – MG

### **Resumo**

A crescente pesquisa na área de expressão gênica em busca de genes candidatos associados às respostas aos estresses abióticos têm possibilitado estudar o transcriptoma e identificar genes responsivos a esses estresses. O principal objetivo deste trabalho foi obter uma visão geral dos genes ativos em folhas de café arábica variedade Caturra quando submetido a vários estresses abióticos e analisar estes genes identificados *in silico* por meio da técnica de RT-qPCR. O material vegetal consistiu de plantas *in vitro* de café arábica expostos por 3 horas sob os diferentes estresses: seca - baixa umidade relativa 9%, frio 5°C, calor 40°C, alta intensidade luminosa 200  $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$  e aplicação exógena de ácido abscísico 10  $\mu\text{M}$ . Após o período de estresse, as folhas de café foram coletadas para a extração de RNA. A preparação da biblioteca de mRNA foi feita através do kit de preparação de amostras de mRNA TruSeq Stranded da Illumina. O sequenciamento foi realizado na plataforma HiSeq 2500 (Illumina) através da técnica SBS (Sequenciamento por Síntese) pela empresa MGX - Montpellier Genomix. A análise de expressão diferencial foi realizada a partir das contagens dos reads brutos usando o pacote estatístico DESeq2. O resultado *in silico* apresentou um total de 17.399 genes diferencialmente expressos entre todos os estresses testados, sendo 2.217, 812, 4.263, 8.008 e 2.099 para o estresse de ABA exógeno, frio, seca, calor e estresse oxidativo, respectivamente. Utilizando esses dados, foram selecionados quatro genes candidatos nas condições de estresse testadas e seus perfis de expressão diferencial foram confirmados por experimentos de RT-qPCR. Através dos experimentos *in silico* deste trabalho foi possível identificar vários genes candidatos respondendo aos diferentes estresses aplicados em plantas de café, o que pode ajudar na compreensão do determinismo genético de tolerância aos estresses abióticos no cafeeiro. A identificação e caracterização desses genes possibilitam a realização de novos estudos da análise da expressão diferencial entre plantas cultivadas no campo e na estufa, e da prospecção da variabilidade natural utilizando diferentes materiais genéticos, os quais permitem a identificação e validação de polimorfismos e alelos específicos para o desenvolvimento de marcadores moleculares associados à tolerância a vários estresses abióticos.

Palavras-Chave: Expressão gênica, cafeeiro, RNA-Seq.

Instituição de Fomento: CAPES Cofecub, INCT-Café (CNPq/FAPEMIG)

Sessão:

Número pôster:

Identificador deste resumo: 353-1-400

novembro de 2017