

ANÁLISES DE EXPRESSÃO IN SILICO DE GENES RELACIONADOS A ÁCIDO ABSÍSICO EM SOLANUM LYCOPERSICUM SOB CONDIÇÕES DE ESTRESSE ABIÓTICO

II InovaBiotec - Congresso de Inovação e Biotecnologia, 2^a edição, de 14/07/2021 a 17/07/2021
ISBN dos Anais: 978-65-89908-41-8

CUNHA; Luigi Pereira ¹, TSCHOEKE; Diogo Antonio ², SANTOS; Mirella Pupo ³

RESUMO

O tomate *Solanum lycopersicum* é, atualmente, uma das culturas mais importantes no mundo. No entanto, estresses abióticos, majoritariamente hídrico, salino e térmico, inibem o desenvolvimento dessas plantas ao afetar a pressão osmótica. Plantas respondem ao estresse abiótico principalmente por rotas de sinalização do fitohormônio ácido abscísico (ABA). Diversas análises que buscam compreender essas rotas já identificaram genes com relação direta à indução de tolerância. Dentre esses, destaca-se os elementos ABA-responsivos (ABRE) e os fatores de transcrição DREB que, por sua vez, independem da ação do fitohormônio ABA e são considerados peças chaves para resistência dos vegetais. Assim, objetiva-se aprofundar o conhecimento acerca dos mecanismos e funções moleculares de genes relacionados com rotas dependentes e independentes de ácido abscísico. Além disso, avaliar *in silico* o perfil de expressão de genes-alvo em *Solanum lycopersicum* sob condições de estresse abiótico. Amostras de material foliar foram selecionadas em condições de controle e estresse, térmico e hídrico. As sequências dos transcritos de mRNA foram retiradas do Sequence Read Archive (SRA) do National Center for Biotechnology Information. A conversão das amostras de RNA-Seq ao formato Fastq foi realizada com auxílio do programa SRA-TollKit. Os transcritos foram mapeados a partir do software *TopHat2 v2.0.14* e os arquivos resultantes fornecidos ao *Cufflinks v2.2.1* para verificar o nível de expressão diferencial dos genes de interesse nas condições estabelecidas. Em relação aos transcritos de estresse térmico, encontrou-se 229 genes diferencialmente expressos (GDEs) estatisticamente significantes, sendo 197 regulados positivamente e 32 regulados negativamente. Para os GDEs regulados positivamente, observou-se o aumento de expressão de genes intimamente relacionados ao estresse abiótico, como chaperonas, HSPs e WRKY, importante fator de transcrição. Já para os genes regulados negativamente, pôde-se observar uma diminuição de inibidores de proteases e genes relacionados ao complexo de antena do fotossistema II, essencial para a cadeia transportadora de elétrons

PALAVRAS-CHAVE: bioinformática, genes diferencialmente expressos, hormônios vegetais, tomate, Transcriptoma

¹ NUPEM - UFRJ , luigi.p.cunha@gmail.com

² PEB Coppe - UFRJ , diogoal@peb.ufrj.br

³ NUPEM - UFRJ , mirellapupo2020@gmail.com