Agronomia

Resposta de genes CAMTA ao estresse hídrico em cana-de-açúcar

Vitor Luciano Costa da Silva - 7° módulo de Agronomia, UFLA, bolsista PIBIC/CNPq

Muhammad Noman - Coorientador DBI, UFLA

Antônio Chalfun-Junior - Orientador DBI, UFLA - Orientador(a)

Resumo

A cana-de-açúcar é uma cultura promissora para a geração de energia renovável, no entanto enfrenta diversas limitações relacionadas a estresses abióticos que impactam sua produtividade, como por exemplo a escassez hídrica, a qual afeta diretamente a produção de sacarose e o crescimento. Estudos prévios demonstraram que a superexpressão de genes da família CAMTA aumentou a tolerância de diversas culturas agrícolas à seca e outros estresses abióticos. O objetivo deste estudo foi investigar, por meio de RNA-seq, a expressão de 46 candidatos a ScCAMTA ao longo do tempo, em uma cultivar híbrida de cana-de-açúcar sob estresse hídrico. Foram utilizadas bibliotecas públicas de sequenciamento (PRJNA776107) da cultivar ROC22, em que os autores sequenciaram material vegetal cultivado em hidroponia por 1 semana e então aplicaram PEG6000 a 20% para simular estresse hídrico. Foram realizadas coletas ao longo do tempo (0h, 4h, 8h, 16h e 32h) e três repetições biológicas foram avaliadas. As bibliotecas foram submetidas à verificação de qualidade com FastQC e reads de alta qualidade foram obtidas após uma filtragem com Trimmomatic. Utilizando HISAT2, as reads foram alinhadas com o genoma de referência da cultivar híbrida R570, disponível no Phytozome. O StringTie foi utilizado para quantificar e mapear as reads alinhadas em potenciais transcritos. O método utilizado para a normalização do nível de expressão gênica foi o de fragmentos por kilobase de éxons por milhões de fragmentos mapeados (FPKM). A análise de componentes principais dos dados de transcriptoma demonstrou alta similaridade entre as três repetições biológicas de cada tratamento. Dos 46 genes analisados, 24 foram positivamente regulados, 7 foram negativamente regulados, 3 apresentaram comportamento neutro e 12 apresentaram comportamento indeterminado, demonstrando uma regulação distinta entre curto e médio prazo. Os genes com maior expressão, em FPKM, foram as cópias aneuplóides de ScCAMTA7, homólogos de SbCAMTA7, indicando seu possível papel como principal fator de transcrição na regulação gênica de respostas a estresses abióticos, via sinalização de Ca^{2+}. Os dados obtidos revelaram a expressão de novos genes associados ao aumento da tolerância a estresses abióticos em cana-de-açúcar, contribuindo com uma maior compreensão de mecanismos moleculares com potencial para garantir maior produtividade em cenários de mudanças climáticas e escassez de recursos hídricos.

Palavras-Chave: Saccharum spp., CAMTA, Transcriptômica.
Instituição de Fomento: CNPq

Link do pitch: https://youtu.be/fJcKivqx6tc