

Ciências Biológicas

Determinação de genes-referência candidatos em plantas de lúpulo (*Humulus lupulus L.*) expostas a condições contrastantes

Melissa Azevedo Vicente - 11º módulo de Ciências Biológicas Bacharelado, Ufla, PIBIC/FAPEMIG.

Antonio Chalfun-Júnior - Orientador DBI, UFLA. - Orientador(a)

Robert Márquez Gutiérrez - Coorientador DBI, UFLA.

Muhammad Noman - Coorientador DBI, UFLA.

Resumo

O lúpulo (*Humulus lupulus L.*) é uma planta utilizada na produção de cerveja, sendo responsável por características sensoriais da bebida, tais como o amargor e o aroma. Tradicionalmente cultivado em zonas temperadas, sua produção no Brasil é limitada, dependendo de importações. Para viabilizar o cultivo nacional, estudos em diversas áreas são realizados, incluindo pesquisas moleculares. Nesse contexto, a análise de expressão gênica é essencial e requer genes-referência confiáveis. Não há um gene-referência universal que seja adequado a todas as espécies e circunstâncias, portanto, são necessários estudos para determinar genes-referência candidatos para o lúpulo em determinadas situações. Diante disso, objetiva-se identificar cinco genes-referência apropriados para a análise de expressão gênica de amostras foliares de lúpulo, considerando diferentes condições experimentais. Os lúpulos foram cultivados em estufas no Departamento de Biologia, no Setor de Fisiologia Vegetal, na Universidade Federal de Lavras (UFLA). Foram realizados experimentos em quatro condições: com aplicação de giberelina; com variações de temperaturas; em diferentes condições de iluminação; além de amostras foliares coletadas de plantas em diferentes estágios de desenvolvimento. Posteriormente, dentre as bibliotecas de RNA-seq disponíveis na plataforma do NCBI (National Center for Biotechnology Information), foram selecionados três estudos para análise, sendo estes: (i) transcriptoma de cones de lúpulo em diferentes estágios de desenvolvimento; (ii) transcriptoma de folhas e glândulas de lupulina de plantas selvagens e mutantes; e (iii) transcriptoma de amostras foliares, de cones e glândulas de lúpulo. Por análise de expressão diferencial com EdgeR, foram identificados como resultado sete genes: elongation factor 1-alpha, polyubiquitin, polyubiquitin-like, pro-cathepsin H-like, protein SRC1, S-adenosylmethionine decarboxylase proenzyme, S-adenosylmethionine synthase 2. Em seguida, com as amostras de lúpulo coletadas e os genes selecionados, serão realizadas análises de qPCR (PCR em Tempo real). Espera-se, assim, definir genes-referência confiáveis em lúpulo, contribuindo com estudos moleculares futuros e para o desenvolvimento do cultivo da espécie no Brasil.

Palavras-Chave: expressão gênica, RT-qPCR, normalização.

Instituição de Fomento: FAPEMIG

Link do pitch: <https://youtu.be/oQIhnHUuSnE>