

Identificação de genes diferencialmente expressos nas folhas de uma linhagem de milho (*Zea mays*) resistente à seca em resposta ao déficit hídrico

DeLaat, DM¹; Carneiro, NP²; Guimarães, CT²; Oliveira, GC³; Franco, GR¹

¹Departamento de Bioquímica e Imunologia, Universidade Federal de Minas Gerais

²Embrapa Milho e Sorgo

³Centro de Pesquisas René Rachou, FIOCRUZ

daianelaat@gmail.com

Palavras-chave: microarranjos de DNA, milho, estresse hídrico, expressão diferencial

No Brasil, estima-se que 14,8% da área plantada com milho (*Zea mays*) seja afetada pela seca, equivalendo a 1,9 milhões de hectares ou uma perda na produção de mais de 3,7 milhões de toneladas. Periodicamente, estas áreas são submetidas a condições de seca que afetam significativamente a produtividade, chegando até a uma perda total de produção. Sabe-se que, sob condições de seca, um grande número de genes é ativado e outros reprimidos. O controle desta ativação/repressão ocorre em diferentes níveis, que vão desde o momento da percepção do estresse, até a geração de uma proteína/enzima ativa biologicamente. Este projeto tem sido realizado utilizando-se uma linhagem de milho (Genótipo 31.2.1) caracterizada fisiologicamente, pelos pesquisadores da EMBRAPA Milho e Sorgo, como resistente ao estresse hídrico. Microarranjos de DNA foram utilizados para explorar de modo global o perfil de expressão gênica diferencial nas condições normal e de baixa disponibilidade de água. Para isso, as folhas foram coletadas e separadas em 8 *pools* de três indivíduos sendo 4 *pools* sob estresse e 4 em condição normal de reposição de água. Os RNAs foram extraídos e os mRNAs amplificados e marcados com corantes fluorescentes (Cy3 e Cy5). Após a hibridação das amostras (estresse X normal) as lâminas foram escaneadas e os dados brutos de intensidade de luminosidade foram analisados usando a linguagem estatística R. Foram identificados alguns genes diferencialmente expressos nos tecidos de folhas desta linhagem de milho em resposta ao déficit hídrico. Vinte e seis genes tiveram o valor de log odds acima de 1,5 (probabilidade de serem diferencialmente expressos de 82%). Destes, onze genes diferencialmente expressos são de folha com estresse e dezesseis de folha sem estresse. Em uma lista com os 10 principais genes diferencialmente expressos observa-se cinco genes de *Zea mays* (glutamina sintetase, proteína rica em glicina, indol sintase, precursor de ferritina 1 e gliceraldeído 3-fosfato desidrogenase), além de genes com similaridade aos de *Oryza sativa* e *Arabidopsis thaliana*. A classificação das proteínas diferencialmente expressas em categorias de ontologia gênica já esta sendo realizada. Com a identificação de genes que têm o perfil de expressão diferencial sob pressão de baixa disponibilidade de água, esperamos gerar informações que ajudem a decifrar os mecanismos fisiológicos de resistência a este tipo de estresse. Além disso, a informação gerada será útil para a produção de plantas geneticamente modificadas que se adaptem melhor à condição de pouca disponibilidade hídrica.

Apoio financeiro: FAPEMIG.