

ESTUDO FUNCIONAL DE GENES ENVOLVIDOS NA DETOXIFICAÇÃO CELULAR EM RESPOSTA À FERRUGEM DA FOLHA EM TRIGO

Andréia Caverzan¹; Alice Casassola²; Sandra Patussi Brammer^{3*}; Márcia Soares Chaves³

¹Programa Nacional de Pós-Doutorado, Bolsista PNPd/CNPq, Embrapa Trigo. ²Programa de Pós-Graduação em Agronomia - UPF. ³Pesquisadora Embrapa Trigo, *orientadora.

O estresse oxidativo nas plantas gera um aumento dos níveis de moléculas tóxicas, encontradas em vários compartimentos subcelulares, denominadas de Espécies Reativas de Oxigênio (ERO). O desequilíbrio no sistema de defesa antioxidante da planta induz alterações na expressão de genes envolvidos em diversas rotas metabólicas importantes, incluindo defesa contra patógenos e estresses abióticos. Para controlar os níveis de EROs, gerados durante o estresse, as plantas possuem um sistema de defesa antioxidante. Plantas de trigo da cultivar Toropi, inoculadas com *Puccinia triticina*, agente causal da ferrugem da folha, foram analisadas via sequenciamento de RNA (RNA-Seq), o qual possibilita analisar e estudar o perfil do transcriptoma de uma espécie. Vários genes de diferentes rotas metabólicas apresentaram expressão alterada em plantas inoculadas com o fungo, inclusive genes envolvidos com o sistema antioxidante. Sendo assim, o presente estudo objetiva, através dos dados disponíveis do RNA-seq, a exploração funcional, por meio de análise de bioinformática, dos genes envolvidos com a eliminação de produtos tóxicos nas células durante a infecção por *P. triticina*. Além disso, visa comparar esses genes, identificados em trigo, com os de outras gramíneas, para a caracterização funcional dos mesmos. Através de análises por PCR em Tempo Real (RT-qPCR), o perfil de expressão desses genes foi avaliado em plantas de Toropi inoculadas com *P. triticina* nos seguintes tempos: 0, 6, 12 e 24 horas após a inoculação. Em todos os casos, foram observadas alterações no padrão de expressão. Em continuidade, serão realizadas outras análises *in silico*, principalmente no que se refere aos domínios e assinaturas características das diferentes classes de proteínas identificadas, bem como de análises filogenéticas entre as espécies. Serão utilizados bancos de dados especializados visando à caracterização funcional dos genes em estudo.

Palavras chave: *Puccinia triticina*, *Triticum aestivum* L., expressão gênica.

Apoio: Embrapa Trigo / CNPq / Fapergs