

RNA-Seq para análise de genes diferencialmente expressos em micrósporos de trigo

Paola Bueno⁽¹⁾, Elene Yamazaki Lau⁽²⁾, Eliseu Binneck⁽³⁾, Antonio Nhani Júnior⁽⁴⁾ e Sandra Maria Mansur Scagliusi⁽⁵⁾

⁽¹⁾Estudante de Biomedicina, Faculdade Especializada na Área da Saúde do Rio Grande do Sul-Fasurgs, Passo Fundo, RS. Estagiária de graduação. ⁽²⁾Pesquisadora da Embrapa Trigo, orientadora, Passo Fundo, RS. ⁽³⁾Pesquisador da Embrapa Soja, Londrina, PR. ⁽⁴⁾Pesquisador da Embrapa Informática Agropecuária, Campinas, SP. ⁽⁵⁾Pesquisadora da Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS.

Resumo – Sendo o trigo (*Triticum aestivum*) uma das principais *commodities* agrícolas do mundo, técnicas de melhoramento genético são empregadas na busca contínua de melhores características agrônômicas, nutricionais e de resistência a estresses bióticos e abióticos. A geração de plantas duplo haploides (DH) é uma das estratégias para acelerar o processo de melhoramento, reduzindo o tempo para alcançar a homozigose. A cultura de micrósporos isolados para gerar DHs é dificultada pela recalcitrância à embriogênese dependente do genótipo. Portanto, identificar genes relacionados à recalcitrância poderá auxiliar a visualizar novas possibilidades para superar esse obstáculo. Para isso, recentemente foi realizado o sequenciamento Illumina (RNA-Seq) de transcritos dos genótipos Fielder (responsivo) e Embrapa 27 (recalcitrante), antes e após tratamento de frio para induzir a embriogênese. Os genes com expressão diferencial foram identificados por análise de bioinformática. O objetivo desse trabalho é analisar o significado biológico dos dados, selecionar genes para verificar a expressão gênica em importantes estágios do processo da embriogênese e também para validar os dados do RNA-Seq. Para inferir o significado biológico, estão sendo analisados os dados de anotação e ontologia de genes (processo biológico, função molecular e componente celular), verificado o aumento/diminuição de níveis de expressão, e realizadas buscas em publicações existentes. Baseada nessa pesquisa, serão selecionados 30 genes e desenhados *primers* para a futura análise de expressão por RT-PCR. A análise preliminar dos dados indicou que, após o tratamento de frio, há uma significativa indução de genes relacionados a resposta a estresses e a componentes de membrana, especialmente em Fielder.

Termos para indexação: *Triticum aestivum*, sequenciamento, recalcitrância à embriogênese

Apoio: Embrapa