

### RNA-SEQ PARA ANÁLISE DA EXPRESSÃO DIFERENCIAL DE GENES ENVOLVIDOS NA RESPOSTA DE CAFEIROS AO ESTRESSE INDUZIDO POR ALUMÍNIO

**Mello, B.V.<sup>1</sup>; Bazzo, B.R.<sup>2</sup>; Mondego, J.M.<sup>1</sup>; Colombo, C.A.<sup>1</sup>.**

<sup>1</sup> Centro de Pesquisa em Recursos Genéticos Vegetais, Instituto Agronômico de Campinas, São Paulo. Autor correspondente: [ccolombo@iac.sp.gov.br](mailto:ccolombo@iac.sp.gov.br)

<sup>2</sup> Laboratório de Genômica e Expressão, Universidade de Campinas, São Paulo.

Em solos ácidos, o alumínio é o principal fator limitante da agricultura e sua ação na planta ocorre diretamente na raiz, inibindo o crescimento do ápice radicular e a formação de raízes secundárias, resultando em diminuição da capacidade da planta em absorver água e nutrientes em camadas mais profundas do solo. Os mecanismos de defesa contra o alumínio são divididos em simplásticos e apoplásticos e, embora haja um número grande de pesquisas a respeito dos efeitos do alumínio, poucos estudos relatam os seus efeitos no cafeeiro. Com a finalidade de analisar a expressão diferencial de genes envolvidos na resposta de cafeeiros induzido ao estresse por alumínio, foi realizado um experimento onde plântulas dos cultivares Catuaí e Icatu foram mantidas em condições hidropônicas sob tratamento com e sem alumínio (controle negativo) nos tempos 1 hora, 12 horas e 48 horas. Foram extraídos RNA total de tecidos de pontas de raiz dos tratamentos do experimento e construídas bibliotecas RNA seq. Assim, este trabalho tem por objetivo principal analisar a expressão diferencial de genes presentes nestas bibliotecas em resposta ao estresse induzido por alumínio. Após análises de bioinformática, cerca de 50 genes serão escolhidos para serem validados em novos experimentos a serem conduzidos nas mesmas condições utilizadas para a obtenção das sequências de RNA, ou seja, mesmos genótipos, concentrações e tempos de exposição ao alumínio. A validação dos genes será realizada por meio de q-PCR. Os resultados poderão colaborar para que estudos posteriores de caracterização funcional sejam realizados em projetos de seleção assistida ou ensaios de transgenia visando à produção de cultivares de café mais tolerantes a solos ácidos.

**Palavras-chave:** Solos ácidos, Alumínio, expressão gênica, estresse abiótico, PCR Quantitativo em Tempo Real.

Agradecimentos: Capes, Pólo APTA de Mococa, CNPQ, Consórcio Brasileiro de Pesquisas Cafeeiras.