



ANÁLISE DO TRANSCRIPTOMA DE RAÍZES DE PLÂNTULAS DE *Urochloa decumbens* cv. Basilisk (Syn. *Brachiaria decumbens* cv. Basilisk) EM RESPOSTA AO ALUMÍNIO

Dos Santos, B. F. (1); Vilela, M. M. (2); Laura, V. A. (3); Nepomuceno, A. L. (3); Chiari, L. (3)*

(1) Mestrando em Biologia Vegetal do programa de Pós-graduação da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul (UFMS)

(2) Analista da Embrapa Gado de Corte

(3) Pesquisador(a) da Embrapa Gado de Corte

*Autora para correspondência: lucimara.chiari@embrapa.br

A região do cerrado brasileiro possui 127 milhões de hectares aptos para utilização agrícola. A maior limitação ao uso desta área é a associação entre alta acidez com baixa fertilidade natural dos solos. Dentre as gramíneas forrageiras do gênero *Urochloa* cultivadas no Brasil, *Urochloa decumbens* cv. Basilisk destaca-se pela elevada tolerância a essas condições; entretanto, os mecanismos moleculares associados a essa tolerância ainda são desconhecidos. O objetivo deste trabalho foi gerar o primeiro banco de dados relatado de sequências transcritas de raízes de plântulas de *U. decumbens* cv. Basilisk em resposta ao estresse por alumínio, usando plataforma de sequenciamento de nova geração. Plântulas de *U. decumbens* cv. Basilisk foram submetidas às condições de estresse (com alumínio) e não estresse (sem alumínio) em hidroponia por oito horas. O experimento foi inteiramente casualizado com três repetições, formadas por 20 plântulas cada. As pontas das raízes foram excisadas para extração de RNA total e enviadas para sequenciamento pela plataforma Illumina HiSeq™ 2000 no Beijing Genomics Institute (BGI). As seis bibliotecas construídas geraram aproximadamente 40 Gb de dados, os quais, por montagem *de novo* usando a programa Trinity, resultaram em 113.918 *unigenes* anotados. Pelo banco de dados não redundante de proteínas do NCBI, 63% dos *unigenes* puderam ser anotados através de homologia com proteínas já descritas, das quais 29,7% são de *Sorghum bicolor*. Foram obtidos 6.698 genes diferencialmente expressos, sendo 3.637 *up* e 3.061 *down* regulados, destacando-se genes relacionados ao ciclo do citrato (4,16%) e à biossíntese de metabólitos secundários (16,9%). Potenciais marcadores moleculares de interesse para o programa de melhoramento de *Urochloa* foram identificados: 17.375 microssatélites (SSRs) e 315.573 polimorfismos de base única (SNPs). Este trabalho resultou no primeiro banco de dados de genes específicos de *U. decumbens* relatado, aumentando significativamente as informações genômicas para a espécie e também para o gênero. Os dados serão analisados com maior acurácia e poderão contribuir para elucidar o mecanismo de adaptação de *U. decumbens* aos solos ácidos, ricos em alumínio. Além disso, as informações obtidas poderão ser utilizadas para pesquisas nas áreas de biotecnologia vegetal e melhoramento genético do gênero *Urochloa*.

Palavras-Chave: braquiárias, estresse abiótico, forrageiras, RNA-Seq, transcriptoma.

Parceria/Apoio financeiro: CNPq, Unipasto e Capes.