



## **GENES DE RESISTÊNCIA A DOENÇAS EM *Urochloa decumbens* cv. Basilisk**

Segatto, R. A (1); Sato Guima, S. E (1); Shirakawa, K. T (1); Pereira, R. M (2)\*; Chiari, L.(3)

(1) Acadêmicas do curso de Biotecnologia da Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais.

(2) Professor Doutor na Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD)

(3) Pesquisadora da Embrapa Gado de Corte

\*Autor para correspondência: rodrigopereira@ufgd.edu.br

As pastagens ocupam 35% da área territorial do Centro-Oeste, tendo a pecuária grande importância regional. A *Urochloa decumbens* cv. Basilisk é uma gramínea forrageira do gênero *Urochloa* e suas variedades foram responsáveis pela revolução das pastagens na pecuária nacional em 1970. O conhecimento dos genes de resistência a doenças e pragas vegetais é uma das vertentes do melhoramento vegetal e o objetivo deste trabalho foi fazer uma busca por genes de resistência na *U. decumbens* cv. Basilisk através da bioinformática. A Embrapa Gado de Corte, localizada em Campo Grande, MS, pesquisa na área e providenciou a extração do RNA de plantas submetidas a condições de estresse e o posterior sequenciamento do transcriptoma da *U. decumbens* cv. Basilisk pela plataforma Illumina HiSeq™ 2000. Os dados gerados possibilitaram a análise *in silico* de seus 164.920 transcritos únicos. Neste trabalho foi realizado um alinhamento local de um transcrito único com o banco de dados de genes de resistência de plantas PRG wiki (<http://prgdb.crg.eu/wiki/MainPage>) instalado localmente. Posteriormente, foi realizado um alinhamento global no programa clustalx e em seguida uma árvore filogenética no programa MEGA, para verificar o posicionamento da sequência chave em relação as suas similares. O transcrito único analisado apresentou similaridades significantes com 30 genes de resistência de plantas conhecidos, entre elas o arroz, sendo o melhor alinhamento com o domínio NBS-LRR, que é responsável pelo reconhecimento primário de fatores de virulência. Genes desta classe conferem resistência a diversos patógenos, incluindo vírus, bactérias, fungos e nematoides.

Palavras-Chave: pastagens, resistência, transcriptômica, alinhamento, *Urochloa*.

Parceria/Apoio financeiro: CNPq, Unipasto, Fundapam, Capes e Embrapa.