

RESUMO

KLUMB, Elsa Kuhn. **Análise do perfil transcriptômico, validação de genes de referência e expressão gênica diferencial de porta-enxertos de *Prunus* spp. submetidos ao estresse por alagamento do solo.** 2019. 144f. Tese (Doutorado em Fisiologia Vegetal) – Programa de Pós-Graduação em Fisiologia Vegetal. Universidade Federal de Pelotas. Pelotas, Pelotas, 2019.

O estado do Rio Grande do Sul é o detentor da maior produção de pêssegos do Brasil, entretanto ainda possui valores baixos de produtividade, quando comparado com outros estados. Um dos problemas associados a isto é a ocorrência de solos com problemas de drenagem, principalmente na região de Pelotas, que dependendo do período do ano, podem sofrer situações de alagamento, prejudicando potencialmente o desenvolvimento e a produtividade da cultura. Em situações de alagamento do solo, o oxigênio se torna insuficiente para raízes, prejudicando o processo de respiração e podendo levar as células a uma crise energética. Somado a isso, é sabido que as mudanças climáticas vêm alterando o clima global, sendo esperado que tais alterações aumentem a frequência e a gravidade dos eventos de inundação em muitas regiões agriculturáveis do planeta. Para que estudos possam auxiliar na seleção de genótipos tolerantes ao alagamento, é de fundamental importância entender as alterações fisiológicas e moleculares das plantas em situações de privação de oxigênio. Desta forma, no presente trabalho foram conduzidos três estudos, os quais tiveram como objetivo a caracterização de respostas dos parâmetros de trocas gasosas e moleculares em cinco porta-enxertos de *Prunus* spp. submetidos ao alagamento do solo. No primeiro estudo objetivou-se obter o perfil transcriptômico em folhas dos porta-enxertos de pessegueiro ‘Capdeboscq’ e da ameixeira ‘Julior’ submetidos ao alagamento por 48 horas, através do uso da técnica de RNA-Seq. Desta análise, foram identificados 3.011 genes diferencialmente expressos (DEGs) para ‘Capdeboscq’ (sensível), onde 1.566 foram *up-regulated* e 1.445 *down-regulated*, e 251 DEGs para ‘Julior’ (tolerante ao estresse), sendo 125 *up-regulated* e 126 *down-regulated*. Embora tenha ativado vias de sinalização, ‘Capdeboscq’ teve a fotossíntese como o processo mais afetado em nível fisiológico e molecular apresentando maior número de termos GOs (*Gene Ontology*) enriquecidos *down-regulated*. ‘Julior’ foi mais eficiente ao conseguir acionar respostas de defesa, as quais incluíram a ativação de vias de biossíntese de flavonoides, segundo a análise funcional de vias metabólicas do KEGG (*Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes*) e termos GOs. A família de fatores de transcrição LSD parece ser um ponto-chave na elucidação dos mecanismos de defesa frente ao estresse, dentre as famílias identificadas neste estudo. A rede de interação proteína-proteína de ‘Capdeboscq’ apresentou altos graus de interação e indicam a grande probabilidade de alguns nós identificados serem *hubs*. No segundo estudo, foram testados oito genes candidatos à referência quanto a estabilidade de expressão para estudos de RT-qPCR em folhas e raízes de quatro porta-enxertos de *Prunus* spp. submetidos ao alagamento do solo por 0, 6, 12, 24, 48, 72, 120 e 192h. No geral, para as cultivares de pessegueiro estudadas (Capdeboscq e NR0170401) *CYP2* e *RPII* foram os genes que apresentaram maior estabilidade, enquanto que para as ameixeiras ‘Marianna

2624' e 'Mirabolano 29-C), *RPL13* e *RPII* foram os mais estáveis, indicando a sua utilização como genes normalizadores. Realizou-se a validação de expressão em *LDH1* e *ADH1* e estes confirmaram a importância estudos para seleção de genes de referência para atingir os resultados adequados. No terceiro estudo, foram avaliados parâmetros fisiológicos e expressão de nove genes envolvidos nos metabolismos glicolítico, fermentativo e de síntese de etileno em 'NR0170401', 'Marianna 2624 e 'Mirabolano 29-C' nas mesmas condições experimentais do segundo estudo. Os três porta-enxertos avaliados ativaram o metabolismo fermentativo já nas seis horas iniciais de experimento, sendo que os tecidos radiculares são mais afetados em comparação com folhas. 'Marianna 2426' aparenta ter um sistema de resposta gênico mais eficiente em comparação com as demais cultivares estudadas em condições de privação de oxigênio.

Palavras-chave: RNA-Seq, RT-qPCR, hipóxia, pessegueiro, ameixeira.