

PERFIL TRANSCRICIONAL DE AVEIA BRANCA SOB ESTRESSE OSMÓTICO NO INÍCIO DO ESTÁDIO VEGETATIVO

MATEUS SIMIONATO DA SILVA¹; BRUNA MIRANDA RODRIGUES²; ANTONIO COSTA DE OLIVEIRA³; LUCIANO CARLOS DA MAIA⁴; CAMILA PEGORARO⁵

¹Universidade Federal de Pelotas – mateussimio@hotmail.com

² Universidade Federal de Pelotas - bmirandarodrigues@gmail.com

³Universidade Federal de Pelotas – acostol@gmail.com

⁴Universidade Federal de Pelotas – lucianoc.maia@gmail.com

⁵ Universidade Federal de Pelotas – pegorarocamilanp@gmail.com

1. INTRODUÇÃO

A aveia branca (*Avena sativa* L.), domesticada há cerca de 3 mil anos, é um alimento funcional de grande importância agrícola e nutricional, sendo hoje o sexto cereal mais produzido no mundo (TOMAR et al., 2024).

O aquecimento global intensificou os efeitos da seca, que reduzem o crescimento, a produtividade e podem antecipar senescência das culturas (ZHU et al., 2024). Em *A. sativa*, déficit hídrico próximo à floração pode diminuir em até 69% a produção (ZHAO et al., 2021). O uso de cultivares tolerantes é a forma com maior custo-benefício de mitigar os danos ocasionados pela seca nas culturas, e o melhoramento moderno acelera sua obtenção (DOBREVA, 2023).

Este trabalho teve como objetivo prospectar genes candidatos à tolerância à seca em plântulas de aveia branca no início do estádio vegetativo, via sequenciamento de transcriptoma.

2. METODOLOGIA

Plântulas da cultivar URS Altiva foram cultivadas em condições de estresse osmótico (Polietilenoglicol/Peg-6000 -0.75 MPa) e controle (água destilada) em câmara de crescimento do tipo BOD durante sete dias. Foi utilizado delineamento inteiramente casualizado, com três repetições, totalizando 12 amostras (2 tecidos x 2 tratamentos x 3 repetições).

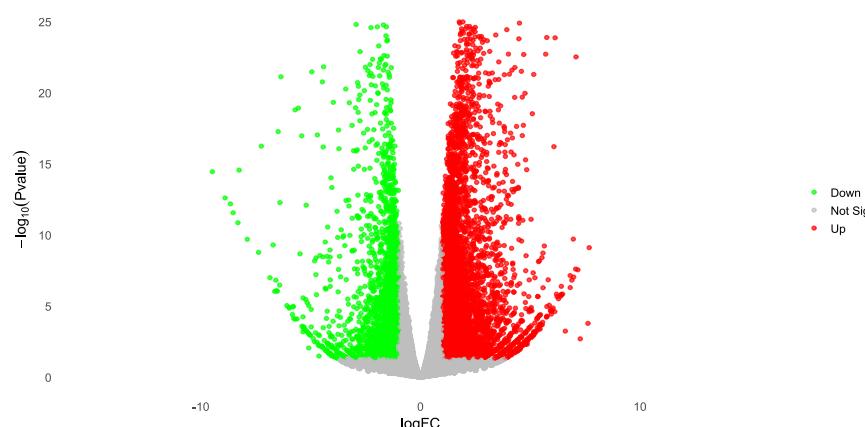
Ao final do período de estresse, as plântulas crescidas sob estresse osmótico e na condição controle tiveram a parte aérea e parte radicular separadas, sendo fixadas em nitrogênio líquido e armazenadas em ultra freezer (-80° C). O RNA foi extraído das 12 amostras utilizando reagente Trizol, conforme recomendações do fabricante. A quantidade e qualidade do RNA foi obtida a partir de leitura em NanoVue e Quantus, e a integridade foi avaliada em *Tape Station* com o kit *RNA Screen Tape* (Agilent). O sequenciamento de RNA foi feito na empresa NGS Soluções Genômicas. A biblioteca de mRNA foi construída com o kit *Illumina Stranded mRNA Prep - Ligation* de acordo com o manual do fabricante. As bibliotecas foram quantificadas por qPCR com o kit *KAPA Library Quantification Kit* (Roche) e foi preparado um *pool* que foi sequenciado no *Nextseq 2000* (Illumina) com leituras 2x100 pb, fornecendo *reads* de 100pb.

As informações do sequenciamento das 12 bibliotecas foram analisadas utilizando os programas HTSEQ (ANDERS et al., 2015), e o pacote DESeq2 (ANDERS et al., 2013) do programa R (4.4.1) resultando em arquivos contendo os identificadores de genes diferencialmente expressos (DEGs).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

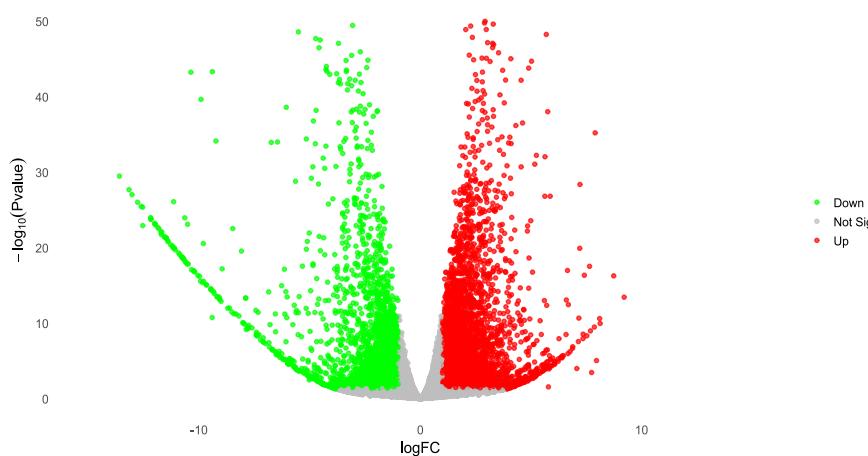
Foram identificados 59344 DEGs. Quando se considera valor de P ajustado < 0,05 na parte aérea verifica-se 13074 DEGs significativos, 7808 induzidos e 5267 reprimidos (Figura 1), enquanto na raiz foram observados 9762 DEGs significativos, 5785 induzidos e 3977 reprimidos (Figura 2).

Figura 1: Gráfico Volcano de genes diferencialmente expressos em parte aérea. logFC: Log2 Fold Change; $-\log_{10}(P\text{value})$: P-value. Down: genes diferencialmente expressos reprimidos; Not Sig: genes não significativos; Up: genes diferencialmente expressos induzidos.



Fonte: O autor (2025).

Figura 2: Gráfico Volcano de genes diferencialmente expressos em parte radicular. logFC: Log2 Fold Change; $-\log_{10}(P\text{value})$: P-value. Down: genes diferencialmente expressos reprimidos; Not Sig: genes não significativos; Up: genes diferencialmente expressos induzidos.

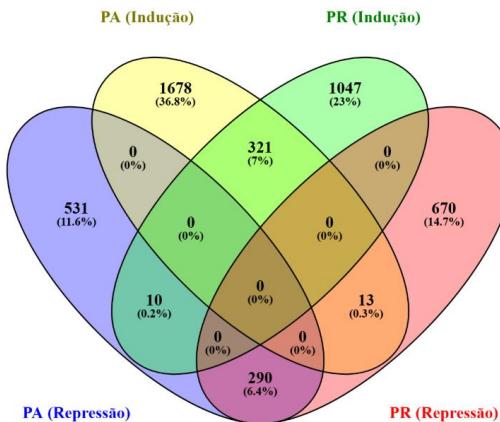


Fonte: O autor (2025).

Aplicando um valor mínimo de log2FC < -2 e > 2, observa-se na parte aérea 2012 DEGs induzidos e 831 reprimidos, e na parte radicular permaneceram 1378 DEGs induzidos e 973 reprimidos. Dentre os DEGs induzidos 321 são comuns entre a parte aérea e radicular, enquanto dos reprimidos, 290 são comuns entre os tecidos (Figura 3).

Figura 3: Diagrama de Venn contendo relações entre genes diferencialmente expressos para genes com aumento e diminuição de expressão.

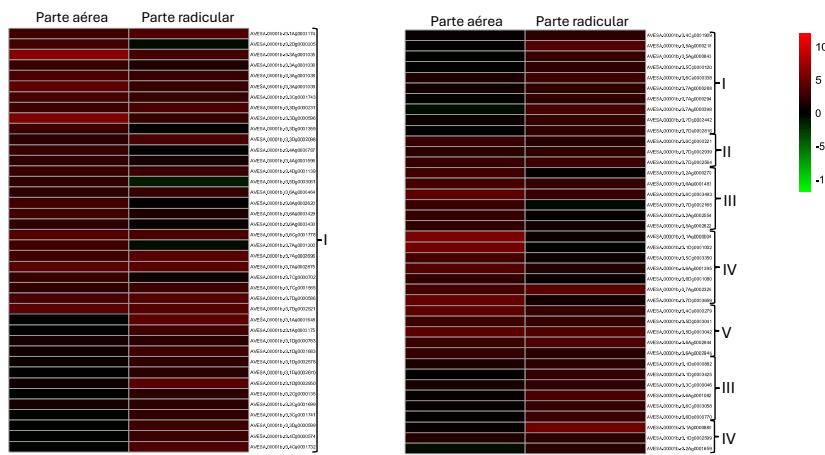
PA (Indução): parte aérea, aumento de expressão; PR (Indução) parte radicular, aumento de expressão; PA (Repressão): parte aérea, diminuição de expressão; PR (Repressão): parte radicular, diminuição de expressão.



Fonte: O autor (2025).

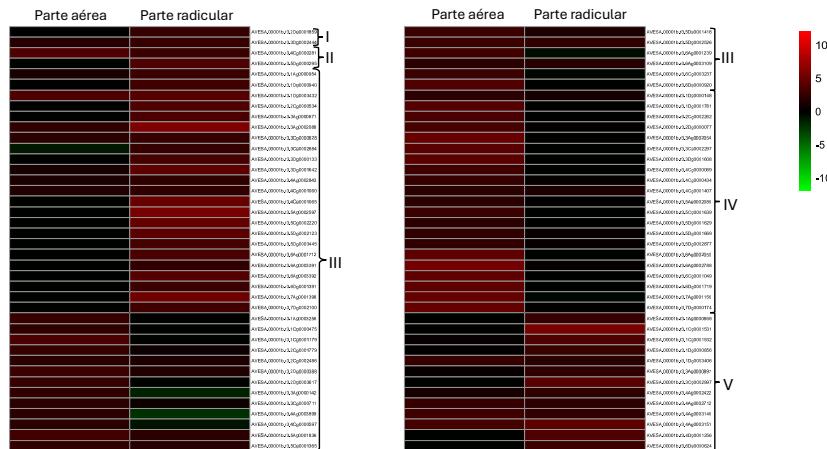
Os principais genes de resposta ao déficit hídrico identificados foram os codificadores do citocromo p450, de peroxidase, de fatores de transcrição, de esterase/lipases GDSLs e transportadores de nitrato 1 (NPFs) (Figuras 4 e 5).

Figura 4: Heatmap listando os genes candidatos e suas expressões utilizando valores de Log2FoldChange. I: Peroxidases; II: Fator de transcrição bZIP; III: Fator de transcrição bHLH; IV: Fator de transcrição MYB.



Fonte: O autor (2025).

Figura 5: Heatmap listando os genes candidatos e suas expressões utilizando valores de Log2FoldChange. I: Fator de transcrição MYB; II: Fator de transcrição WRKY; III: Citocromo p450; IV: esterase/lipases GDSLs; V: transportadores de nitrato 1 (NPFs).



Fonte: O autor (2025).

4. CONCLUSÕES

Os genes associados à família CYP do citocromo p450, assim como os codificadores da peroxidase, fatores de transcrição (bZIP, bHLH, MYB e WRKY), esterase/lipases GDSLs e transportadores de nitrato 1 (*NPFs*) se destacaram em ambos os tecidos, sendo induzidos ou reprimidos. Esse perfil de expressão sugere que esses genes estão associados com a tolerância ao estresse osmótico apresentado pela cultivar URS Altiva, porém mais estudos precisam ser realizados para testar essa hipótese.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ANDERS, S; MCCARTHY, D J; CHEN, Y; OKONIEWSKI, M; SMYTH, G K; HUBER, W; ROBINSON, Mark D. Count-based differential expression analysis of RNA sequencing data using R and Bioconductor. **Nature Protocols** 8, 1765–1786 (2013). <https://doi.org/10.1038/nprot.2013.099>.
- ANDERS, S; PYL, P T; HUBER, W. HTSeq—a Python framework to work with high-throughput sequencing data. **Bioinformatics** (Oxford, England), v. 31, n. 2, p. 166–169, 2015. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu638>.
- DOBREVA, T. Study of drought tolerance of winter oat varieties. **Agricultural Science**, v. 39, p. 35–40, 2023. <https://doi.org/10.22620/agrisci.2023.39.004>.
- TOMAR, M e SINGH, P (Ed.) (2024) Oat (*Avena sativa*): Production to Plate. 1. ed. Boca Raton: CRC Press. **Taylor and Francys Group**. E-book. Disponível em: <https://doi.org/10.1201/9781003263302>.
- ZHAO, B e MA, B L (2021) Source–Sink Adjustment: A Mechanistic Understanding of the Timing and Severity of Drought Stress on Photosynthesis and Grain Yields of Two Contrasting Oat (*Avena sativa* L.) **Genotypes**. **Journal of Plant Growth Regulation**, v. 40, p. 263–276. <https://doi.org/10.1007/s00344-020-10093-5>.
- ZHU S, MI J, ZHAO B, WANG Z, YANG Z, WANG M e LIU J (2024). Integrative transcriptome and metabolome analysis reveals the mechanism of fulvic acid alleviating drought stress in oat. **Frontiers in Plant Science**. 15:1439747. doi: 10.3389/fpls.2024.1439747.