

IDENTIFICAÇÃO DE GENES CANDIDATOS ASSOCIADOS COM TOLERÂNCIA À SECA EM AVEIA BRANCA

BRUNA MIRANDA RODRIGUES¹; MATEUS SIMIONATO DA SILVA²; ANTONIO COSTA DE OLIVEIRA³; LUCIANO CARLOS DA MAIA⁴; CAMILA PEGORARO⁵

¹Universidade Federal de Pelotas – bmirandarodrigues@gmail.com

²Universidade Federal de Pelotas – mateusagro2022@gmail.com

³Universidade Federal de Pelotas – acostol@gmail.com

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

⁵Universidade Federal de Pelotas – pegorarocamilanp@gmail.com

1. INTRODUÇÃO

A aveia branca (*Avena sativa* L.) é amplamente utilizada na indústria alimentícia, como flocos, mingaus, barras de cereais, biscoitos, macarrão, pães, iogurte, leite de aveia e outras bebidas. Esse cereal também pode ser empregado na alimentação animal. Além disso, é matéria prima para indústria farmacêutica (HALIMA et al., 2015; KIM et al., 2021; YANG et al., 2023). A aveia é considerada um alimento funcional devido ao alto conteúdo de β -glucana e avenantramidas. Ainda, a aveia é rica em proteínas, fibras, minerais, vitaminas, aminoácidos e antioxidantes (KIM et al., 2021). Devido à essas propriedades o consumo de aveia branca vem aumentando ao longo dos anos (LIN et al., 2025).

A aveia branca é cultivada em diferentes regiões do mundo, incluindo União Europeia, Canadá, Rússia, Austrália, Estados Unidos e Brasil. O cultivo, o clima, e as condições de crescimento são os principais fatores que afetam a produção de aveia (YANG et al., 2023). O estresse por seca reduz significativamente a produção desse cereal. Com o aquecimento global e as mudanças climáticas, espera-se que episódios de seca sejam mais frequentes e severos. O efeito da seca na redução do rendimento de aveia já observado nos Estados Unidos e Canadá (GHIMIRE et al., 2024).

Esse cenário demonstra a urgência de desenvolver cultivares de aveia tolerantes ao déficit hídrico. A tolerância à seca é uma característica complexa, controlada por muitos genes e envolve respostas fisiológicas, bioquímicas e morfológicas. A compreensão desses mecanismos é fundamental para o desenvolvimento de cultivares tolerantes (GHIMIRE et al., 2024).

Dentro desse contexto, o objetivo desse estudo foi a identificação de genes candidatos envolvidos nos mecanismos de tolerância à seca em aveia branca no início do estágio vegetativo.

2. METODOLOGIA

Sementes da cultivar URS Altiva foram depositadas em seis rolos de papel Germitest, hidratado com água destiladas 2,5x o seu peso, e incubados em câmara de germinação do tipo BOD, a 20 ± 2 °C e fotoperíodo de 12 horas. Após o período de 72 horas, as plantas de três rolos foram transferidas para novos rolos embebidos com água destilada (controle), e as plantas dos outros três rolos foram transferidas para rolos embebidos com solução de PEG6000 -0.75 MPa (seca), e ambos foram acondicionados em BOD, onde permaneceram nessa condição durante sete dias. Foi utilizado delineamento inteiramente casualizado, com três repetições.

Após o período de estresse, a parte aérea e as raízes foram separadas, fixadas em N líquido e armazenadas em ultra freezer a -80°C . O RNA total de cada uma das 12 amostras (dois tecidos x dois tratamentos x três repetições) foi extraído utilizando o reagente Trizol, de acordo com as recomendações do fabricante. A qualidade e a quantidade ($\text{ng}/\mu\text{L}$) de RNA foram avaliadas por espectrofotômetro e fluorímetro. A integridade do RNA total foi avaliada em *Tape Station* com o kit RNA Screen Tape (Agilent).

A biblioteca de mRNA foi construída a partir de RNA total 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* (Roche) e a partir de cada biblioteca foi preparado um *pool* que foi sequenciado no *Nextseq 2000* (Illumina) com leituras 2×100 pb, fornecendo *reads* de 100pb. O sequenciamento foi feito na empresa NGS Soluções Genômicas.

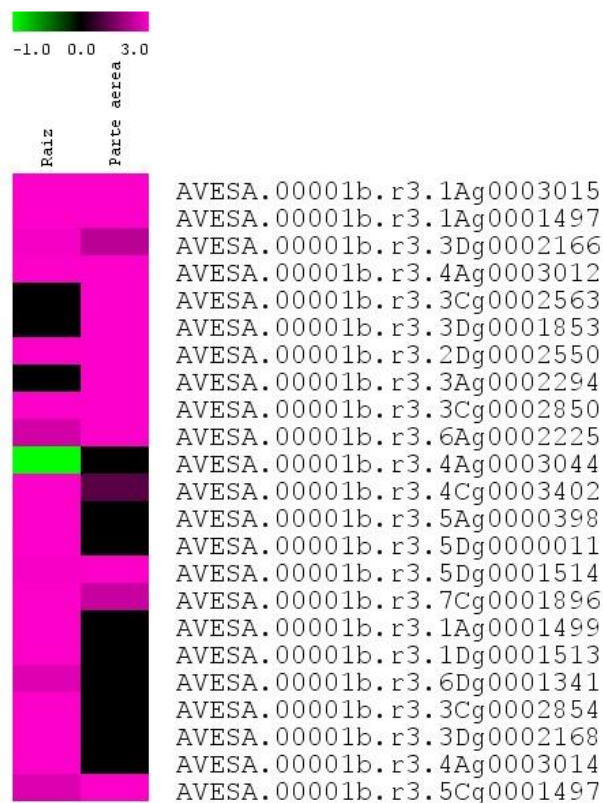
Os arquivos de sequência bruta (FASTQ) foram avaliados utilizando diferentes abordagens de bioinformática e estatística. A expressão gênica diferencial foi obtida pelos contrastes entre os tratamentos (controle x seca), tecidos (partes aéreas x sistema radicular) e suas interações. Os genes foram considerados diferencialmente expressos (DEG) com valor de *p* ajustado (*Adj.p-val*) $< 0,05$ e $\log\text{-FC} < -2$ e > 2 . A caracterização funcional dos genes foi realizada pela classificação de três níveis da Ontologia Genética (GO): Processo Biológico (PB), Função Molecular (FM) e Componente Celular (CC), utilizando o software OmicsBox (GÖTZ et al., 2008). Mapas de calor com genes candidatos foram criados no MultiExperiment Viewer (MeV) (SAEED et al., 2006).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Dentre os genes diferencialmente expressos em resposta à seca em aveia estão os codificadores de lacase. O estresse por seca em aveia ocasionou a indução de 22 genes codificadores de lacase, sendo a maioria expresso em ambos tecidos (Figura 1). Enzimas lacases atuam em processos de defesa a partir da síntese de lignina na parede celular e polimerização de compostos fenólicos. Alguns genes codificadores de lacase conferem tolerância à seca em diferentes espécies (KONG et al., 2024). Em *Populus euphratica* foi demonstrado que a superexpressão de um gene *Lacase* (*PeuLAC2*) altera a estrutura do xilema, incluindo o espessamento da parede celular e aumento do comprimento das fibras celulares, que melhoram a capacidade de transporte de água das plantas. As plantas super expressando *PeuLAC2* apresentam maior capacidade antioxidante e maior tolerância à seca (NIU et al. 2021).

A expressão de genes codificadores de lacase em parte aérea e raízes sugere que o acúmulo de lignina e outros compostos fenólicos pode contribuir para o fortalecimento estrutural da parede celular e para a mitigação dos danos oxidativos, auxiliando na defesa à limitação hídrica em aveia branca no início do estágio vegetativo.

Figura 1. Perfil de expressão de genes codificadores de lacase em plantas de aveia submetidas ao estresse por seca (PEG6000 -0.75 MPa) em relação ao controle. Cor rosa representa aumento de expressão, verde redução de expressão e preto sem alteração na expressão.



4. CONCLUSÕES

O maior acúmulo de transcritos de *lacase* em resposta à seca em cultivar de aveia branca tolerante sugere o envolvimento desses genes no mecanismo de tolerância à seca. Se comprovada essa hipótese, esses genes podem ser considerados em programas de melhoramento.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- GÖTZ S.; GARCIA-GOMEZ J.M.; TEROL. J.; WILLIAMS. T.D.; NAGARAJ, S.H.; NUEDA, M.J.; ROBLES, M.; TALON, M.; DOPAZO, J.; CONESA, A. High-throughput functional annotation and data mining with the Blast2GO suite. **Nucleic Acids Research**, v. 36, n. 10, p. 3420-3435, 2008.
- GHIMIRE, K.; MCINTYRE, I.; CAFFE, M. Evaluation of Morpho-Physiological Traits of Oat (*Avena sativa* L.) under Drought Stress. **Agriculture**, v. 14, n. 1, p. 109, 2024.
- HALIMA, N.B.; SAAD, R.B.; KHEMAKHEM, B.; FENDRI, I.; ABDELKAFI, S. Oat (*Avena sativa* L.): oil and nutriment compounds valorization for potential use in industrial applications. **Journal of Oleo Science**, v. 64, n. 9, p. 915-932, 2015.
- KIM, I.S.; HWANG, C.W.; YANG, W.S.; KIM, C.H. Multiple antioxidative and bioactive molecules of oats (*Avena sativa* L.) in human health. **Antioxidants**, v. 10, n. 9, p. 1454, 2021.

KONG, J.; XIONG, R.; QIU, K.; LIN, X.; LI, D.; LU, L.; ZHOU, J.; ZHU, S.; LIU, M.; SUN, Q. Genome-wide identification and characterization of the Laccase gene family in *Fragaria vesca* and its potential roles in response to salt and drought stresses. **Plants**, v. 13, n. 23, p. 3366, 2024.

LIN, H.; FEI, T.; LIU, X.; LIN, X.; WANG, L. Oat (*Avena sativa* L.) fermented by GRAS-grade microorganisms: From improvement of the quality propriety and health benefits, safety assessment to potential industrial applications. **Trends in Food Science and Technology**, p. 105020, 2025.

NIU, Z.; LI, G.; HU, H.; LV, J.; ZHENG, Q.; LIU, J.; WAN, D. A gene that underwent adaptive evolution, LAC2 (LACCASE), in *Populus euphratica* improves drought tolerance by improving water transport capacity. **Horticulture Research**, p. 8, 2021.

SAEED, A.I.; BHAGABATI, N.K.; BRAISTED, J.C.; LIANG, W.; SHAROV, V.; HOWE, E.A.; LI, J.; THIAGARAJAN, M.; WHITE, J.A.; QUACKENBUSH, J. TM4 microarray software suite. **Methods in Enzymology**, v. 411, p. 134–193, 2006.

YANG, Z.; XIE, C.; BAO, Y.; LIU, F.; WANG, H.; WANG, Y. Oat: Current state and challenges in plant-based food applications. **Trends in Food Science & Technology**, v. 134, p. 56-71, 2023.