

Caracterização molecular do gene *ScbHLH47* de cana-de-açúcar.

Isabella Poletto*, Vanessa R. Gonçalves, Pedro Araújo, Marcelo Menossi.

Resumo

Uma seleção prévia de genes baseada em perfis de expressão em resposta à seca permitiu identificar um membro pertencente a família de fatores de transcrição bHLH, denominado *ScbHLH47*. Em outras espécies já foi relatada a participação desse fator na resposta ao déficit hídrico. Assim, a hipótese testada neste trabalho é que o gene *ScbHLH47* é componente importante do mecanismo de adaptação e tolerância ao estresse hídrico em cana-de-açúcar. A utilização de plantas transgênicas de *Arabidopsis thaliana* que superexpresssem esse gene foi a estratégia para a caracterização funcional. Análises de expressão e de parâmetros fisiológicos permitiram correlacionar o papel do gene no estresse hídrico. Os resultados observados demonstram que o gene *ScbHLH47* possui perfil promissor e permanece como candidato a conferir tolerância ao estresse hídrico.

Palavras-chave:

Fator de transcrição, *Arabidopsis thaliana*, estresse abiótico.

Introdução

A seca é um dos principais estresses abióticos no cultivo da cana-de-açúcar, a indústria canavieira do país necessita do desenvolvimento de variedades com maior tolerância ao déficit hídrico. As plantas possuem mecanismos para contornar os efeitos causados pela seca através de alterações morfológicas e fisiológicas. Todo processo de adaptação é regulado por centenas de genes, sendo alguns deles fatores de transcrição que controlam as vias de resposta do organismo¹. O objetivo do projeto foi ampliar a caracterização molecular do gene *ScbHLH47* através de linhagens de *Arabidopsis thaliana* superexpressando o gene e submetidas a avaliação para tolerância ao déficit hídrico e sobrevivência tendo seus parâmetros bioquímicos e fisiológicos verificados².

Resultados e Discussão

Sementes transgênicas homozigotas e selvagens foram cultivadas em câmara de crescimento. Em seguida, as plantas foram submetidas a estresse hídrico moderado (30% de capacidade do solo, ou 1,2g de água /g de solo seco). Após 20 dias, as rosetas foliares foram coletadas para análises fisiológicas.

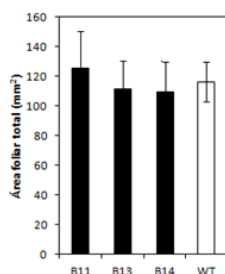


Figura 1. Comparação de área foliar. Indicados como 'B11', 'B13', 'B14' três eventos transgênicos e 'WT' o selvagem.

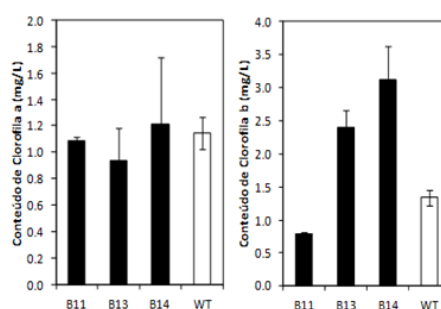


Figura 2. Teor de clorofilas 'a' e 'b'. Indicados como 'B11', 'B13', 'B14' três eventos transgênicos independentes e para 'WT' o selvagem.

Conclusão

Os ensaios realizados mostram indícios de que o gene *ScbHLH47* possa estar controlando mecanismo de resposta ao déficit hídrico que leva a um maior teor de clorofila b. Novos ensaios estão em andamento para caracterização do papel do gene.

¹Hu H, Xiong L. Genetic engineering and breeding of drought-resistant crops. *Annu Rev Plant Biol.* **2014** 65:715–41.

²Skirycz A, De Bodt S, Obata T, De Clercq I, Claeys H, De Rycke R, et al. Developmental stage specificity and the role of mitochondrial metabolism in the response of *Arabidopsis* leaves to prolonged mild osmotic stress. *Plant Physiol.* **2010** 152(1):226–44.

³Nishiyama R, Watanabe Y, Fujita Y, Le DT, Kojima M, Werner T, et al. Analysis of cytokinin mutants and regulation of cytokinin metabolic genes reveals important regulatory roles of cytokinins in drought, salt and abscisic acid responses, and abscisic acid biosynthesis. *Plant Cell.* **2011** 23(6):2169–83.