



**REENCONTROS  
NOVOS ESPAÇOS  
OPORTUNIDADES**

**XXXIV SIC** Salão Iniciação Científica

**26 - 30  
SETEMBRO  
CAMPUS CENTRO**

<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2022: SIC - XXXIV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2022
<b>Local</b>	Campus Centro - UFRGS
<b>Título</b>	Busca de genes relacionados à tolerância a altas temperaturas em plantas de arroz
<b>Autor</b>	GUILHERME WEBER
<b>Orientador</b>	JANETTE PALMA FETT

O arroz (*Oryza sativa* L.) é uma das culturas de maior relevância nutricional para a humanidade, visto que serve como alimento básico para cerca de 3 bilhões de pessoas, constituindo aproximadamente 19% das calorias consumidas diariamente. A produção de arroz é constantemente afetada por alterações climáticas, dentre elas o aumento de temperatura. O objetivo do projeto é identificar e caracterizar genes de arroz que respondam a condições de altas temperaturas, através do uso de ferramentas de bioinformática e meta-análise e utilizando dados publicamente disponíveis. Baseado nas bibliotecas de transcriptoma desenvolvidas no ano anterior da iniciação científica (microarranjo e RNA-seq), a metodologia consistiu das seguintes etapas: quantificação da expressão de transcritos; categorização de biblioteca contendo os 20 conjuntos de dados de microarranjo; identificação e anotação dos genes mais diferencialmente expressos (aqueles presentes em ao menos 17 dos 20 conjuntos de dados) de microarranjo; e caracterização funcional dos genes mais diferencialmente expressos através de análise de enriquecimento funcional da ferramenta Gene Ontology. A análise por enriquecimento funcional demonstrou que os genes mais diferencialmente expressos na condição up-regulada estão relacionados a processos biológicos de termotolerância (e.g. GO:0009408, GO:0009266), enquanto os genes na condição down-regulada estão relacionados à regulação da expressão gênica (GO:0031047, GO:0010629). Dentre os genes mais diferencialmente expressos, se destacam 2 na condição up-regulada (Os03g0300600 [DjC28] e Os03g0267000 [HSP18.0-CI]) e 1 na condição down-regulada (Os03g0812200 [RFP]), que se encontram presentes na maior quantidade de conjuntos de dados e portanto se apresentam como candidatos para a indução de termotolerância por melhoramento vegetal. As etapas seguintes do projeto consistem na aplicação destes métodos no conjunto de dados de RNA-seq e em eventuais subcategorias de dados, como o tecido coletado ou idade das plantas tratadas, de maneira a se obter um maior número de genes-alvo. Apoio: Propesq, CNPq, CAPES.