

Análise de transcriptoma para avaliação do mecanismo de resistência do azevém ao herbicida glyphosate

Joanei Cechin¹, Cristiano Piasecki², Daiane Benemann³, Frederico Schmitt Kremer⁴, Maicon Fernando Schmitz⁵, Dirceu Agostinetto⁶, Leandro Vargas⁷

Universidade Federal de Pelotas, Capão-do-Leão, RS, Brazil¹, Universidade Federal de Pelotas, Capão-do-Leão, RS, Brazil², Universidade Federal de Pelotas, Capão-do-Leão, RS, Brazil³, Universidade Federal de Pelotas, Capão-do-Leão, RS, Brazil⁴, Universidade Federal de Pelotas, Capão-do-Leão, RS, Brazil⁵, Universidade Federal de Pelotas, Capão-do-Leão, RS, Brazil⁶, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA Trigo), Passo Fundo, RS, Brasil⁷

O azevém (*Lolium multiflorum* Lam.) é uma planta daninha amplamente encontrada em lavouras de trigo e cevada no Sul do Brasil. A presença de diversas populações resistentes ao herbicida glyphosate dificulta o manejo e pode reduzir a produtividade das culturas. A avaliação do mecanismo de resistência através de análises de RNA-Seq é um método inovador na caracterização gênica de todo o transcriptoma de plantas daninhas resistentes a herbicidas, usado na identificação do *splicing* alternativo e de redes reguladoras em plantas. O objetivo foi avaliar genes diferencialmente expressos (DEGs) entre biótipos resistente e suscetível em resposta ao herbicida glyphosate. O transcriptoma foi sequenciado pela plataforma Illumina HiSeq2500 em biótipo suscetível (SVA02) e resistente (SVA04) oriundos de plantas tratadas e não a dose de 2160 g ea ha⁻¹ de glyphosate. O material vegetal foi coletado individualmente 24 horas após pulverização utilizando-se três repetições biológicas por tratamento. A montagem do *de novo* transcriptoma foi gerado a partir de 12 bibliotecas previamente pré-processadas e filtradas para remoção de sequências de baixa qualidade usando o programa Trinity. As DEGs dos tratamentos foram filtradas estatisticamente pelos valores de log fold change (FC≥2), P value (<0,05) e false discovery rate (FDR<0,05) e, comparadas entre si. Os resultados evidenciaram a ocorrência de 51 e 107 transcritos regulados positivamente e negativamente no biótipo resistente, respectivamente, enquanto que no biótipo suscetível, houve a expressão diferencial de 1032 e 1703 genes regulados positivamente e negativamente em resposta ao herbicida glyphosate. Dessa forma, a resistência do azevém ao glyphosate é poligênica.

Palavras-chave: *Lolium multiflorum*, RNA-Seq, expressão gênica, estresse herbicida.

Apoio: Capes e Embrapa Trigo