

A cana-de-açúcar é uma gramínea C4 usada por séculos como a principal fonte de açúcar e mais recentemente para obtenção de etanol. Devido a sua grande importância no cenário econômico mundial, estudos em cana-de-açúcar são cada vez mais importantes no sentido de prover informações que possam levar ao aumento de produtividade para suprir tanto a demanda interna quanto externa. No entanto, a quantidade de dados moleculares e biotecnológicos disponíveis está muito aquém do necessário, e investimentos na obtenção de novos conhecimentos serão necessários se quisermos evoluir neste campo, assim como manter o nosso país como líder na produção de etanol. Neste trabalho, conduzimos experimentos em campo para comparar variedades contrastantes para a tolerância ao déficit hídrico e realizamos diagnósticos fisiológicos e moleculares para diferenciar as variedades. O estresse hídrico levou à diminuição do crescimento e desenvolvimento de todas as três variedades analisadas. A variedade RB855536 foi identificada como a menos produtiva das três, visto que em condições de déficit hídrico ela diminuiu mais seu crescimento, sofre mais efeitos do estresse oxidativo, acumula mais osmólitos e tem o ciclo de Calvin menos ativo. A variedade RB867515 teve um melhor desempenho, não acumulou osmólitos, não teve aumento na concentração de prolina, teve sinais menores de estresse oxidativo e um melhor funcionamento do ciclo de Calvin. Além disto, nós observamos a indução de transcritos na via de resposta do ABA e proteínas relacionadas com a fotossíntese, transporte de água e dobramento proteico. A variedade RB92579 teve um padrão similar ao encontrado para a RB867515, mas teve uma maior fotossíntese, um menor estresse oxidativo e uma menor perda de pigmentos. Nossos dados avançaram na identificação de genes envolvidos na resposta ao déficit hídrico em cana-de-açúcar assim como permitiram distinguir as variedades utilizadas no estudo.

A partir de uma prospecção inicial de dados de transcriptoma previamente obtidos pelo grupo, foram selecionados fatores de transcrição associados a características agrônomicas de interesse. Produzimos anticorpos para 5 TFs de cana-de-açúcar e padronizamos a metodologia de ChIP-Seq utilizando a plataforma de sequenciamento Roche 454. Uma análise dos dados de ChIP-Seq usando anticorpos para a RNA Polimerase II nos permitiu detectar contaminações com DNA humano, provavelmente pela utilização de gDNA como controle das reamplificações, assim como a detecção de mapeamento de muitas regiões repetitivas, o que pode ser normal, podendo indicar locais de ligação da Polimerase II ou então *background*. O mapeamento de praticamente todos os dados de sorgo em cana evidenciou a similaridade entre estes organismos, mas a maior quantidade de mapeamento em cana evidencia uma maior complexidade de seu genoma. Os resultados foram importantes por permitir o estabelecimento de uma metodologia de mapeamento de regiões regulatórias no genoma da cana-de-açúcar e significa um importante passo no estabelecimento de redes regulatórias associadas a características agrônomicas de interesse.