

ANÁLISE METABOLÔMICA DE CANA-DE-AÇÚCAR (*SACCHARUM OFFICINARUM*) GENETICAMENTE MODIFICADA PARA SUPEREXPRESSION DO GENE *NPK1* SOB DÉFICIT HIDRÍCO

*Tainara A. do Nascimento¹, Julia T. S. Guerzoni², Gisele S. de Aquino³, Eduardo F. Carlos⁴, Glauca B. Alcantara¹

¹Instituto de Química, Universidade Federal de Mato Grosso do Sul (UFMS), Campo Grande, Brasil; ²Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo, Universidade Federal do Paraná (UFPR) Brasil; ³Departamento de agronomia da Universidade Estadual de Maringá (UEM), Maringá, Brasil; ⁴Instituto Agrônomo do Paraná (IAPAR), Londrina, Brasil. *tainaraandradedonascimento@hotmail.com

Palavras chave: cana transgênica, RMN, análises quimiométricas.

O Brasil é o maior produtor mundial de cana-de-açúcar e ocupa uma posição privilegiada no mercado mundial de biocombustíveis. Considerando-se que a baixa disponibilidade de água por alguns períodos durante o cultivo da cana impacta negativamente a sua produtividade, a demanda global do biocombustível etanol requer estratégias para amenizar fatores que causam a perda da produtividade da cana devido, principalmente, às mudanças climáticas. Uma alternativa é o desenvolvimento de variedades mais tolerantes à seca. Nesse contexto, o gene *NPK1* (*Nicotina protein kinase 1*), proveniente do tabaco, demonstrou ser promissor em outros cultivares sob condições de estresse hídrico, pois sua superexpressão gênica inicia uma cascata metabólica de proteínas-quinases ativadas por MAPKs importantes durante períodos de extrema seca. Desta forma, o presente estudo propõe a análise metabolômica de folhas de cana-de-açúcar (*Saccharum officinarum*) geneticamente modificada para a superexpressão do gene *NPK1*. As plantas transgênicas foram obtidas, em parceria com o IAPAR, por dois métodos de transformação genética (*Agrobacterium tumefaciens* (AGRO) e biobalística (CV)) e comparadas com plantas não transgênicas (CONT). As plantas foram submetidas a intervalos de déficit hídrico (T0 à T4) e posteriormente reidratadas (T5). Dois extratos brutos das folhas foram obtidos: aquoso (D₂O/TMSP-d4 0,05%, tampão fosfato pH=6,7) e metanólico (MeOD-d4/TMS). Utilizou-se a Ressonância Magnética Nuclear (RMN) de ¹H, juntamente com experimentos bidimensionais (HSQC, HMBC, J-res, COSY, TOCSY), a fim de se obter informações estruturais dos metabólitos em mistura. Os dados multivariados obtidos foram analisados com auxílio de métodos quimiométricos não-supervisionado (PCA, *Principal Component Analysis*) e supervisionado (sPLS-DA, *sparse Partial Least Squares Discriminant Analysis*). Os resultados apontaram que, em ambos os extratos, a separação por genótipo não foi a principal fonte de variação, e sim o efeito do tempo de estresse hídrico. Na interpretação dos dados, para os extratos aquosos, observou-se que derivados de ácido *p*-cumárico, aminoácidos e açúcares foram relevantes nas amostras CONT, enquanto ácidos graxos, aminoácidos foram significativos nas amostras de CV e o genótipo AGRO diferenciou-se durante o estresse principalmente devido aos ácidos graxos e açúcares. Nota-se que os métodos distintos de extração trazem informações metabólicas complementares, que contribuirão para a interpretação dos dados. Os resultados preliminares mostram que para ambos os extratos há similaridade entre CONT e CV, sendo o genótipo AGRO o que mais se distingue metabolicamente e também aquele que evidencia ser mais tolerante ao estresse hídrico. Ainda é necessário realizar o assinalamento dos extratos metanólicos e investigar as rotas metabólicas dos compostos identificados e posteriormente, determinar a proporção relativa de metabólitos relevantes para melhor compreensão dos dados.