



TRANSCRIPTOMA DE *Annona crassiflora* ASSOCIADO À SUPERAÇÃO DE DORMÊNCIA MORFOLOGICA.

PATRÍCIA SOUZA DA SILVEIRA¹, JULIANA PEREIRA BRAVO², ALESSANDRO DE MELLO VARANI³, EDVALDO APARECIDO AMARAL SILVA⁴

¹Engenheira Agrônoma, Doutora em Agricultura, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” UNESP-FCA Campus de Botucatu, e-mail: patyagrovida@yahoo.com.br

²Bióloga, Pós doutoranda da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” UNESP-FCA Campus de Botucatu, e-mail: jupbravo@gmail.com

³Biólogo, Pesquisador III do Departamento de Tecnologia da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” UNESP-FCAV Campus de Jaboticabal, e-mail: amvarani@gmail.com

⁴Engenheiro Agrônomo, Professor Assistente Doutor da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” UNESP-FCA Campus de Botucatu e-mail: amaraldasilva@fca.unesp.br

Resumo: O objetivo deste trabalho foi analisar o transcriptoma do embrião de *Annona crassiflora* durante a superação da dormência morfológica. Sementes foram coletadas de áreas do cerrado do Estado de Minas Gerais, acondicionadas em sacos de poliéster com orifícios de 0,5 cm de diâmetro, enterradas no mês de abril e desenterradas em novembro, e as sementes que apresentaram rupturas no tegumento (sem protrusão radicular) tiveram o embrião isolado para a extração de RNA. As bibliotecas foram preparadas utilizando TruSeq RNA sampleprep v2. O sequenciamento foi realizado em HiScanSQ (Illumina) e os dados gerados analisados pela plataforma CLC Genomics Workbench versão 6.0.2. Os contigs foram anotados com programa BLAST2Go, gerando 32.883 transcritos, sendo os cinquenta mais expressos relacionados ao metabolismo, resposta ao estresse, ciclo celular e processamento de DNA, síntese de proteína, comunicação celular, hormônios e transcrição celular. Os vinte menos expressos foram associados a peptídeo sinal que comumente estão relacionados à translocação entre membrana em eucariotos.

Palavras-chave: RNA (seq), Cerrado, Conservação.