

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS
FACULDADE DE AGRONOMIA ELISEU MACIEL
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA



DISSERTAÇÃO DE MESTRADO

PERFIL TRANSCRICIONAL DE AVEIA BRANCA SOB ESTRESSE OSMÓTICO NO
INÍCIO DO ESTÁDIO VEGETATIVO

Mestrando: Mateus Simionato da Silva, Engº Agrº

Orientadora: Camila Pegoraro, Dra.

Coorientador: Luciano Carlos da Maia, Dr.

Pelotas, 2025

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS
FACULDADE DE AGRONOMIA ELISEU MACIEL
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

DEFESA DE DISSERTAÇÃO

**Perfil transcricional de aveia branca sob estresse osmótico no início do
estádio vegetativo**

Mateus Simionato da Silva¹

Orientadora: Camila Pegoraro²

Coorientador: Luciano Carlos da Maia³

Defesa de dissertação de mestrado
apresentada à Universidade Federal de
Pelotas, como requisito parcial à obtenção
do título de Mestre em Ciências, Área de
Concentração Fitomelhoramento

¹Engº Agrº, FAEM/UFPel.

²Engº Agrº, Dra., Prof. Adjunto do Departamento de Fitotecnia, FAEM/UFPel – Orientadora.

³Engº Agrº, Dr., Prof. Associado do Departamento de Fitotecnia, FAEM/UFPel – Coorientador.

Universidade Federal de Pelotas / Sistema de Bibliotecas
Catalogação da Publicação

S586p Silva, Mateus Simionato da

Perfil transcricional de aveia branca sob estresse osmótico no início do estágio vegetativo [recurso eletrônico] / Mateus Simionato da Silva ; Camila Pegoraro, orientadora ; Luciano Carlos Maia, coorientador. — Pelotas, 2025.
110 f. : il.

Dissertação (Mestrado) — Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, 2025.

1. *Avena sativa* L. 2. Estresse osmótico. 3. Expressão gênica. 4. Peg-6000. 5. RNA-seq. I. Pegoraro, Camila, orient. II. Maia, Luciano Carlos, coorient. III. Título.

CDD 633.1391

Elaborada por Ubirajara Buddin Cruz CRB: 10/901

Mateus Simionato da Silva

PERFIL TRANSCRICIONAL DE AVEIA BRANCA SOB ESTRESSE OSMÓTICO NO INÍCIO DO ESTÁDIO VEGETATIVO

Dissertação de mestrado, como requisito parcial para obtenção do grau de Mestre em Ciências, Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas.

Data da defesa: 28 de julho de 2025

Banca examinadora:

Dra. Camila Pegoraro (Orientadora)

Doutora em Ciências pela Universidade Federal de Pelotas

PhD Antonio Costa de Oliveira

Doutor em Genética pela Purdue University

Dra. Viviane Kopp da Luz

Doutora em Ciências pela Universidade Federal de Pelotas

Dr. Daniel da Rosa Farias

Doutor em Ciências pela Universidade Federal de Pelotas

“Dedico esse trabalho a todos aqueles que de alguma forma colaboraram em minha jornada de vida, mas em especial a meus pais, que sempre instigaram minha curiosidade, e a minha tia Marlines, que me apresentou ao prazer da literatura.”

Agradecimentos

Agradeço a minha mãe, Marinês Simionato da Silva, por ter ensinado a mim a amar aprender.

Agradeço ao meu pai, Amauri José da Silva, por todo apoio e carinho oferecidos durante minha vida.

Agradeço minha namorada Jennifer, pela insubstituível companhia e afeto.

Agradeço a toda minha família e amigos de Erechim e Pelotas, os quais são permanente parte de mim.

Agradeço a todos os amigos e colegas que encontrei no CGF, levarei os ensinamentos e amizades para o resto da vida.

Agradeço a minha orientadora, Camila Pegoraro, pela orientação, ensinamentos, paciência, e principalmente por ter me estimulado a seguir no caminho acadêmico.

Agradeço o meu coorientador, Luciano Carlos da Maia, pelas orientações, paciência, esclarecimentos e pelos conhecimentos passados.

Agradeço à FAEM - UFPEL, pelos excelentíssimo corpo docente oferecido e ter me concedido a oportunidade de participar um pouco da sua grandiosa história.

Agradeço aos órgãos de fomento o qual tornam a pesquisa um sonho possível.

“Se eu vi mais longe, foi por estar sobre ombros de gigantes”
(Isaac Newton, 1676)

RESUMO

SILVA, M, S. Perfil transcricional de aveia branca sob estresse osmótico no início do estágio vegetativo. Orientadora: Camila Pegoraro. 109 f. Dissertação (Mestrado em Ciências – área de concentração: Fitomelhoramento) - Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, 2025.

A aveia branca (*Avena sativa* L.) é uma cultura de importância mundial e nacional. Devido a seus constituintes nutricionais de elevado interesse do mercado consumidor, a demanda por esse cereal vem crescendo ao decorrer do tempo. Com o agravamento do fenômeno do aquecimento global, cada vez mais regiões do planeta sofrem com a falta de água, um problema que impacta a agricultura de forma dramática. Nos últimos anos a área dedicada a produção de aveia, apesar de estável, vêm sofrendo crescente pressão de eventos de estiagem prolongados, acontecimentos esses, que podem afetar gravemente a produtividade dessa cultura. Uma das estratégias para mitigar as perdas ocasionadas pelo déficit hídrico é o melhoramento genético de culturas. Nesse sentido, elucidar a base genética que controla a tolerância ao estresse por seca pode auxiliar os melhoristas. Em busca de genes candidatos para tolerância à seca, o sequenciamento de RNA (RNA-Seq) foi empregado para avaliar o perfil transcricional de aveia branca sob estresse osmótico no início do desenvolvimento vegetativo. Três experimentos com 12 cultivares de diversos programas de melhoramento foram conduzidos para identificar o genótipo com melhor resposta ao estresse por déficit hídrico, culminando na seleção e sequenciamento do transcriptoma da cultivar URS Altiva, notavelmente tolerante ao estresse osmótico. A predição funcional dos genes diferencialmente expressos (DEGs) foi obtida através de BLAST seguido de análise de ontologia gênica, com três níveis. Considerando *p-value* ajustado $< 0,05$ e $\text{Log2foldchange} < -2$ e > 2 , verificou-se que o estresse promoveu a alteração da expressão de 2843 genes na parte aérea (2012 induzidos e 831 reprimidos) e 2351 genes na raiz (1378 induzidos e 973 reprimidos). A aveia branca revela uma

complexa adaptação ao estresse osmótico, em que vias de biossíntese, componentes de parede celular e fatores de transcrição atuam inicialmente na resposta à seca enquanto genes envolvidos na produção de metabólitos secundários e na sinalização hormonal fortalecem a tolerância em plântulas. A análise de ontologia gênica revelou que a família gênica CYP do citocromo P450 se sobressaiu em todos os tecidos analisados, tanto em sua indução quanto em sua repressão. Tal achado sugere uma possível ligação com a tolerância ao estresse osmótico demonstrada pela cultivar URS Alativa. No entanto, são necessários estudos adicionais para confirmar e detalhar completamente essa potencial correlação. Adicionalmente, outros genes candidatos são os membros das famílias peroxidase, fatores de transcrição bZIP, bHLH, MYB e WRKY, e transportadores ABC.

Palavras-chave: *Avena sativa* L.; estresse osmótico; expressão gênica; PEG-6000; RNA-seq.

ABSTRACT

SILVA, M. S. Transcriptional profile of white oat under osmotic stress at the early vegetative stage. Advisor: Camila Pegoraro. 109 p. Qualification (Master of Science – concentration area: Plant Breeding) – Graduate Program in Agronomy, Department of Plant Science, Federal University of Pelotas, Pelotas, RS, 2025.

White oat (*Avena sativa* L.) is a crop of global and national importance. Due to its nutritional components, which are highly valued by consumers, the demand for this cereal has been increasing over time. With the worsening phenomenon of global warming, more and more regions of the planet suffer from water scarcity problems that dramatically impact agriculture. In recent years, although the area dedicated to oat production has remained stable, it has come under increasing pressure from prolonged drought events, which can severely affect the crop's productivity. One of the strategies to mitigate losses caused by water deficit is the genetic improvement of crops. In this context, elucidating the genetic basis controlling drought stress tolerance can assist breeders. In the search for candidate genes for drought tolerance, RNA sequencing (RNA-Seq) was employed to evaluate the transcriptional profile of white oat under osmotic stress at the early vegetative stage. Three experiments were conducted with 12 cultivars from various breeding programs to identify the genotype with the best response to water deficit stress, culminating in the selection and transcriptome sequencing of the cultivar URS Altiva, which showed notable tolerance to osmotic stress. The functional prediction of differentially expressed genes (DEGs) was obtained through BLAST followed by gene ontology analysis at three levels. Considering an adjusted p-value < 0.05 and Log2 fold change < -2 and > 2, it was found that stress altered the expression of 2,843 genes in the aerial parts (2,012 upregulated and 831 downregulated) and 2,351 genes in the roots (1,378 upregulated and 973 downregulated). White oat reveals a complex adaptation to osmotic stress, in which biosynthetic pathways, cell wall components, and transcription factors play an initial role in the drought response, while genes involved in the production of secondary metabolites and hormonal signaling

strengthen tolerance in seedlings. Gene ontology analysis revealed that the CYP gene family of cytochrome P450 stood out in all tissues analyzed, both in its induction and repression. This finding suggests a possible link with the osmotic stress tolerance demonstrated by the URS Altiva cultivar. However, further studies are needed to confirm and fully detail this potential correlation. Additionally, other candidate genes include members of the peroxidase family, the transcription factor families bZIP, bHLH, MYB, and WRKY, as well as ABC transporters.

Keywords: *Avena sativa* L.; gene expression; PEG-6000; RNA-seq; osmotic stress.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Representação esquemática da rede regulatória transcricional envolvida na transdução de sinal sob estresses abióticos, incluindo a seca. MYC, MYB e bZIP atuam apenas por meio de uma via dependente de ABA. NAC regula a expressão de genes a jusante tanto por vias dependentes quanto independentes de ABA. O fator de transcrição DREB2 regula a tolerância à salinidade e à seca por meio de uma via independente de ABA. DREB1/CBF também regula a tolerância ao frio por meio de uma via independente de ABA distinta. CBF4 é o único fator de transcrição DREB que regula a tolerância à seca e à salinidade por meio de uma via dependente de ABA. MYCRS, MYBRS e NACRS: Sequência de reconhecimento de MYC, MYB e NAC. ABRE: Elemento de reconhecimento de ABA. DRE/CRT: Elemento responsivo à dessecação/C-Repeat.	12
Figura 2 - Medição de comprimento de parte aérea (CPA) de plântulas de aveia utilizando régua graduada.	23
Figura 3 - Armazenamento de porção aérea e radicular de plântulas de aveia para secagem em estufa de ar forçado.	23
Figura 4 - Bandeja plástica contendo solo para plantio das 12 cultivares de aveia branca.	25
Figura 5 – Gráfico com análise RIN de valor 9,4, exemplificando os picos 18S e 28S bem definidos e destacados.	29
Figura 6 - Comparação do comprimento de parte aérea (CPA - cm), comprimento de parte radicular (CPR - cm), massa seca de parte aérea (MSPA - g) e massa seca de parte radicular (MSPR - g) em plântulas de aveia branca sob diferentes concentrações de PEG-6000.	32
Figura 7 – Teste de médias para CPA (comprimento de parte aérea), CPR (comprimento de parte radicular), MSPA (massa seca de parte aérea) e MSPR (massa seca de parte radicular) da cultivar URS Altiva sob condição de controle e estresse osmótico.	35
Figura 8 – Análise de número de integridade de RNA para as 12 bibliotecas produzidas.	36

Figura 9 - Amostra 1 com RIN de 8,2 (RINe), UpperSLowerSArea: Razão entre Calibrated Conc. [ng/μl] de 28s/18s, Size [nt]: Marcador inferior, Calibrated Conc. [ng/μl]: Concentração calibrada, Assigned Conc. [ng/μl]: Concentração utilizada, Peak Molarity [nmol/l]: Molaridade máxima.	37
Figura 10 – Gráfico Volcano de genes diferencialmente expressos em parte aérea. logFC: Log2 Fold Change; -log10(Pvalue): P-value. Down: genes diferencialmente expressos reprimidos; Not Sig: genes não significativos; Up: genes diferencialmente expressos induzidos.	39
Figura 11 – Gráfico Volcano de genes diferencialmente expressos em parte radicular. logFC: Log2 Fold Change; -log10(Pvalue): P-value. Down: genes diferencialmente expressos reprimidos; Not Sig: genes não significativos; Up: genes diferencialmente expressos induzidos.	39
Figura 12 – Diagrama de Venn contendo relações entre genes diferencialmente expressos para genes com aumento e diminuição de expressão. PA (Indução): parte aérea, aumento de expressão; PR (Indução) parte radicular, aumento de expressão; PA (Repressão): parte aérea, diminuição de expressão; PR (Repressão): parte radicular, diminuição de expressão.	40
Figura 13 – Gráfico de termos por tecido e categoria de ontologia gênica. Parte radicular-Reprimidos: parte radicular com redução na expressão gênica; Parte radicular-Induzidos: parte radicular com aumento na expressão gênica; Parte aérea-Reprimidos: parte aérea com redução na expressão gênica; Parte aérea-Induzidos: parte aérea com aumento na expressão gênica.	41
Figura 14 - Vinte processos biológicos mais presentes em DEGs de parte aérea.	43
Figura 15 - Vinte processos biológicos mais presentes em DEGs de parte radicular.	43
Figura 16 – Vinte funções moleculares mais presentes em DEGs de parte aérea.	45
Figura 17 – Vinte funções moleculares mais presentes em DEGs de parte radicular.	45
Figura 18 – Vinte componentes celulares mais presentes DEGs de parte aérea.	47

Figura 19 – Vinte componentes celulares mais presentes DEGs de parte radicular.

..... 47

Figura 20 – *Heat map* listando os genes candidatos e suas expressões utilizando valores de Log2FoldChange. I: Peroxidases; II: Fator de transcrição bZIP; III: Fator de transcrição bHLH; IV: Fator de transcrição MYB..... 50

Figura 21 – *Heat map* listando os genes candidatos e suas expressões utilizando valores de Log2FoldChange. I: Fator de transcrição MYB; II: Fator de transcrição WRKY; III: Citocromo p450; IV: esterase/lipases GDSLs; V: transportadores de nitrato 1 (NPFs). 50

Figura 22 – *Heat map* listando os genes candidatos e suas expressões utilizando valores de Log2FoldChange. I: transportadores de nitrato 1 (NPFs); II: transportadores ABC (ATP-Binding Cassete); III: permeases de aminoácido (AAT); IV: lectinas tipo G S-receptor-serina/treonina-proteína quinase; V: proteínas de repetições de peptatricopepdídeos; VI: codificadores de fosfatases 2C (PP2C); VII: transportadores de açúcar bidirecionais SWEET; VIII: decarboxilases de aldeído de cadeia longa; IX: fatores de transcrição de proteínas de estresse ao calor (HSF).51

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Lista de cultivares utilizadas nos experimentos sob estresse osmótico	20
Tabela 2 - Quantificação e pureza das amostras de RNA, ng/ul= concentração de RNA por amostra, 260/280= indicador de contaminação por fenóis e proteínas, 260/230= indicador de resíduos de reagentes e contaminação por carboidratos. 28	
Tabela 3 – Teste ANOVA para os experimentos I, II e III, para comprimento de parte aérea (CPA), comprimento de parte radicular (CPR), massa seca de parte aérea (MSPA) e massa seca de parte radicular (MSPR), onde GL= graus de liberdade; SQ= soma dos quadrados; QM= quadrado médio; F= F estatístico; P-value= valor p; *: Significativo para $p \leq 0,05$	33
Tabela 4 - Teste de médias para o experimento II (casa de vegetação), desempenho relativo de comprimento de parte aérea (CPA), comprimento de parte radicular (CPR) e massa seca de parte radicular (MSPR). Médias seguidas pela mesma letra não diferenciam entre si pelo teste Tukey a 5% de probabilidade de erro.	33
Tabela 5 - Teste de médias para o experimento III (câmara de crescimento tipo BOD), desempenho relativo de comprimento de parte aérea (CPA), comprimento de parte radicular (CPR), massa seca de parte aérea (MSPA), massa seca de parte radicular (MSPR). Médias seguidas pela mesma letra não diferenciam entre si pelo teste Tukey a 5% de probabilidade de erro.	34

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	2
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	4
2.1 Origem e domesticação da Aveia	4
2.2 Morfologia da aveia	6
2.3 Importância da aveia branca	7
2.4 Estresses abióticos.....	8
2.5 Seca, déficit hídrico, e estresse osmótico	9
2.6 DNA.....	14
2.7 RNA.....	15
2.8 Genoma	16
2.9 Transcriptoma	17
2.9.1 RNA-Seq	18
3 MATERIAL E MÉTODOS	20
3.1 Material vegetal	20
3.1.1 Sala de crescimento – experimento I	24
3.1.2 Casa de vegetação – experimento II	25
3.1.3 Câmara de crescimento tipo BOD – experimento III	26
3.1.4 Análise estatística	27
3.2 Análise do transcriptoma	27
3.2.1 Extração de RNA.....	28
3.2.2 Preparo de bibliotecas.....	28
3.2.3 Análise de dados.....	29
3.3 Identificação e anotação funcional de genes diferencialmente expressos	30
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	32
4.1 Dose de PEG-6000.....	32
4.2 Experimentos I, II e III.....	32

4.3 Alterações morfológicas de plantas de aveia da cultivar URS Altiva sob estresse por seca e controle	35
4.4 Integridade das amostras de RNA para análise de RNA-seq	36
4.5 Análise do transcriptoma de plantas de aveia sob controle e estresse osmótico	37
4.6 Ontologia de genes diferencialmente expressos	41
5. CONCLUSÃO	57
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	58

1 INTRODUÇÃO

A aveia branca (*Avena sativa* L.) é uma cultura domesticada há cerca de 3 mil anos, tem grande importância na agricultura mundial e é considerada um alimento funcional (Coelho et al., 2020; Dorofeyev, 1992; Kushwaha et al., 2019). Com o crescente foco na nutrição e saúde alimentar, há um aumento gradual na demanda do mercado por matérias-primas de aveia de alta qualidade (Singh et al., 2022a). A cultura representa o sexto cereal mais produzido no mundo, com cerca de 25,05 milhões de toneladas na safra 2023 (Tomar et al., 2024).

Os efeitos do aquecimento global têm se intensificado ao longo das últimas décadas em decorrência da ação do homem no ambiente (Hermans; Mclemons, 2021). Segundo Yuan et al (2023), nos últimos 64 anos, cerca de 74% do planeta enfrenta secas mais frequentes ligadas as mudanças climáticas. Na região do continente europeu, responsável por 62,7% da produção mundial de aveia, a previsão até o ano de 2100 é que a frequência e severidade de eventos de estiagem dobrem (FAO, 2025; Naumann et al., 2021). O Brasil não fica de fora dessa tendência global, sendo possível notar desde a década de 1950 um aumento na frequência e severidade de secas, com projeção de piora no cenário hídrico nacional até o ano de 2100 (Vicente-Serrano et al., 2022).

Uma das estratégias de melhor custo-benefício de lidar com os problemas decorrentes da falta de água na cultura da aveia é o emprego de cultivares tolerantes. Com a utilização do melhoramento moderno, é possível acelerar o processo de obtenção desses cultivares, para tanto, é necessário estudos aprofundados (Dobreva, 2023).

Ao longo do curso da evolução, as plantas desenvolveram mecanismos altamente complexos para responder e resistir a condições adversas (Zhang et al., 2022a). A escassez de água desencadeia uma cascata de respostas fisiológicas e bioquímicas e modificações na morfologia da planta (Wang et al., 2022a). Algumas dessas respostas são, a produção de espécies reativas de oxigênio (EROs), o controle osmótico, a sinalização com fitormônios, a regulação através de fatores de transcrição (FTs), entre outros (Cao et al., 2024a).

A identificação de genes envolvidos nos mecanismos de tolerância à seca pode auxiliar os melhoristas no desenvolvimento de novas cultivares. Portanto, esse trabalho teve como objetivo analisar o perfil transcricional de plântulas de aveia branca sob estresse osmótico no início do estágio vegetativo, com o intuito de identificar possíveis genes candidatos para programas de melhoramento genéticos voltados a esse estresse.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Origem e domesticação da Aveia

O gênero *Avena*, comumente denominado como aveia, pertence à família das gramíneas *Poaceae* e desempenhou um papel significativo na agricultura humana por séculos. Sua origem remonta ao Crescente Fértil, uma região no Oriente Médio considerada o berço da agricultura. Acredita-se que espécies silvestres, como *Avena sterilis* e *Avena fatua*, tenham crescido inicialmente como ervas daninhas em campos de outros cereais domesticados, como trigo e cevada (Stewart; Mcdougall, 2014). Com o tempo, essas espécies silvestres foram reconhecidas por seu valor nutricional e adaptabilidade, levando à sua domesticação (Loskutov; Rines, 2011).

O processo de domesticação da aveia provavelmente foi um evento secundário, ocorrendo após a domesticação de outros cereais básicos. Isso é corroborado por evidências arqueológicas e estudos genéticos, que sugerem que a aveia era inicialmente uma espécie de erva daninha que posteriormente se tornou uma planta cultivada devido à sua resistência e capacidade de prosperar em condições de solo pobre (Zhou et al., 2019). A disseminação da aveia do Crescente Fértil para a Europa e outras regiões ocorreu durante a expansão das práticas agrícolas, onde ela se tornou uma cultura básica em climas mais frios, graças à sua tolerância ao frio e à umidade (Murphy; Hoffman, 1992).

O gênero *Avena* se destaca por ser complexo em sua genética, tendo representantes diploides, tetraploides e hexaploide com genomas A, B, C e D (Boczkowska et al., 2016). Tem-se que os genomas A e C sejam os mais antigos, com cerca de 8 milhões de anos, já o genoma ACD, originou-se há aproximadamente 0,5 milhão de anos a partir de hibridação de diferentes espécies (Loskutov; Rines, 2011; Peng et al., 2022). Apesar de composto por 26 espécies, o gênero possui 6 espécies hexaploides e apenas 4 dessas com genoma ACD, a *Avena sativa*, *Avena fatua*, *Avena sterilis*, *Avena byzantina* (Jain et al., 2024). Acredita-se que o genoma ACD surgiu de um ancestral diploide paterno com

genoma Al/As (*Avena longiglumis* e *Avena sterilis*) e um tetraploide materno com genoma CD o qual surgiu de um evento de alotetraploidia entre um diploide paterno com genoma C e um diploide materno com genoma D (Peng et al., 2022). O número básico de cromossomos no gênero é 7, dessa forma em espécies diploides $2n = 2x = 14$; espécies tetraploides $2n = 4x = 28$ e em espécies hexaplóides $2n = 6x = 42$ (Tomar et al., 2024).

O genoma das espécies de aveia diploides com genoma C ($2C = 10,26$ pg) são em média 15% maiores que o genoma das espécies com genoma A ($2C = 8,95$ pg), e essa diferença ajuda a explicar o aumento de tamanho entre as espécies tetraploides (Yan et al., 2016). Mesmo o genoma do gênero *Avena* sendo composto pôr em média 83% de sequências repetitivas, as espécies hexaplóides com a configuração do genoma ACD apresentam redução no tamanho do genoma em relação aos seus progenitores diploides (média $2C = 25,74$ pg) (Maughan et al., 2019; Yan et al., 2016).

Com exceção da *Avena macrostachya*, as aveias no geral realizam a autopolinização para se reproduzir, o que pode causar o isolamento reprodutivo, que é uma importante ferramenta para o melhoramento da cultura (Boczkowska et al., 2016).

No Brasil, a introdução do gênero *Avena* ocorreu muito mais tarde, durante o período de colonização europeia, sendo a aveia branca (*Avena sativa* - hexaplóide), a aveia amarela (*Avena byzantina* - hexaplóide) e a aveia preta (*Avena strigosa* - diploide) as principais em cultivo no país (Lima et al., 2024; Maximino et al., 2021; Neto et al., 2024). A cultura foi trazida principalmente como forragem para o gado, dado seu alto valor nutricional para os animais. Com o tempo, o cultivo de aveia se expandiu, especialmente nas regiões sul do Brasil, onde o clima mais frio é mais adequado para o seu crescimento (Tavares et al., 1993). Hoje, o Brasil é um dos principais produtores na América do Sul, com a cultura sendo utilizada tanto para alimentação animal quanto para consumo humano, principalmente na forma de farinha e produtos *fitness* (EMBRAPA, 2020).

2.2 Morfologia da aveia

A aveia branca apresenta traços morfológicos distintos os quais são essenciais para sua identificação e valor agrícola. A planta normalmente possui caules eretos e ocos que podem atingir alturas de 60 a 150 cm, com folhas linear-lanceoladas caracterizadas por uma lígula membranosa e uma bainha que envolve firmemente o colmo (Ihsan et al., 2021). A inflorescência é uma panícula laxa composta por espiguetas, cada uma contendo duas a três flores.

Estudos recentes destacam a variabilidade na morfologia das sementes, incluindo o tamanho do grão (6 a 14 mm de comprimento), a forma (de oblongo a lanceolado) e a textura superficial, aspectos fundamentais para a diferenciação de cultivares (Fu et al., 2023; Ihsan et al., 2021). Técnicas avançadas de imageamento, como a análise multiespectral, revelam diferenças sutis na cor das sementes (variando de branco-cremoso a amarelado) e em características estruturais, como compactação e perímetro, auxiliando na identificação não destrutiva das cultivares (Ihsan et al., 2021). Além disso, a arquitetura radicular especialmente sob condições de estresse apresenta adaptações como o aumento do comprimento e da densidade das raízes, o que contribui para maior resiliência à seca (Ghimire et al., 2024).

Avanços recentes em tecnologias genômicas e de mapeamento têm aprimorado a compreensão da morfologia da aveia. Montagens genômicas de alta resolução de parentes silvestres diploides (como *Avena longiglumis*) identificaram locos genéticos que influenciam características como a estrutura da panícula (Liu et al., 2024).

Estudos morfofisiológicos realizados sob estresse osmótico demonstram que a condutância estomática e o teor de clorofila estão intimamente ligados à morfologia das folhas, com cultivares tolerantes apresentando cutículas mais espessas e menor densidade estomática (Ghimire et al., 2024). Esses achados ressaltam a integração de descritores morfológicos tradicionais com ferramentas de ponta, facilitando o melhoramento direcionado para o aumento de rendimento e para a resiliência a seca (Ihsan et al., 2021).

2.3 Importância da aveia branca

A aveia branca tem grande relevância na agricultura e nutrição global. É valorizada por sua adaptabilidade a climas diversos e pelo seu papel na agricultura sustentável. Como cultura tolerante ao frio, a aveia prospera em terras marginais inadequadas para outros cereais, tornando-se crítica para a segurança alimentar em regiões com condições de cultivo desafiadoras (Pan et al., 2024). Estudos genômicos recentes destacam sua resiliência a estresses abióticos, como a seca e o baixo teor de nitrogênio, características cada vez mais vitais à medida que a variabilidade climática se intensifica (Ma et al., 2024; Pan et al., 2024).

Do ponto de vista nutricional, a aveia é rica em β -glucana, avenantramidas e minerais essenciais, que contribuem para a saúde cardiovascular, oferecem benefícios anti-inflamatórios e auxiliam no combate às deficiências de micronutrientes (Clements et al., 2014; Maximino et al., 2021). Seu baixo índice glicêmico e alto teor de fibras também a posicionam como um alimento funcional no enfrentamento da obesidade e diabetes, alinhando-se com as iniciativas globais de saúde (Clements et al., 2014). Devido a essas características desejáveis, a exigência pelo cereal vem aumentando a cada ano. Avanços em estudos genômicos estão otimizando os programas de melhoramento da aveia, aprimorando características como produtividade, qualidade nutricional e tolerância a estresses para atender à demanda crescente (Maheshwari et al., 2024; Peng et al., 2025).

O Brasil emergiu como um ator-chave na produção de aveia, posicionando-se em sexto lugar globalmente e impulsionando a inovação agrícola na América do Sul (FAO, 2025; Rana et al., 2023). Os estados do sul do Brasil, com seu clima temperado, são ideais para o cultivo da aveia, onde a cultura cumpre funções duplas: produção de grãos para o consumo humano e forragem para o gado (Maximino et al., 2021; Silva et al., 2024).

Além disso, a aveia é parte integrante dos sistemas de plantio direto no Brasil, contribuindo para a saúde do solo e a redução da erosão, enquanto fornece cobertura de palha para culturas subsequentes, como a soja (Silva et al., 2024). Ferramentas de genômica e bioinformática, estão sendo utilizadas para estudar e otimizar características como altura da planta e resistência a doenças, garantindo

uma produtividade sustentável mesmo diante de ameaças fúngicas, como a ferrugem foliar (Jain et al., 2024; Xiong et al., 2024a).

O futuro da aveia depende do aproveitamento dos *insights* genômicos e das inovações agronômicas. Estudos sobre envelhecimento de sementes e regulação do gene *DMP* visam prolongar a viabilidade das sementes (Ma et al., 2024). Iniciativas de biofortificação da aveia com perfis de micronutrientes aprimorados estão ganhando força, apoiadas por análises de diversidade genética e cruzamentos direcionados (Rana et al., 2023). No entanto, desafios persistem, como a necessidade de melhorar a eficiência no uso de nitrogênio para reduzir os impactos ambientais e o desenvolvimento de cultivares tolerantes ao sal e seca, utilizando *insights* da família de genes *LecRLK* e *GID1* (Gong et al., 2022; Pan et al., 2024; Xiong et al., 2024a). Esforços colaborativos entre a academia e a indústria, apresentam o potencial para harmonizar produtividade com sustentabilidade ecológica (Silva et al., 2024). À medida que cresce a demanda por culturas ricas em nutrientes e resilientes ao clima, a aveia branca está preparada para desempenhar um papel cada vez mais importante nos sistemas alimentares globais e nas estratégias de saúde pública.

2.4 Estresses abióticos

O estresse abiótico surge quando as plantas são expostas a fatores ambientais como salinidade, frio e seca, que são desfavoráveis a seu desenvolvimento ótimo. Em nível global, estima-se que mais de 91% das áreas agrícolas sofrem impactos de estresses abióticos, com perdas que superam 50% da produção em média, tornando esse tema prioritário para a pesquisa e políticas públicas (Younis et al., 2020). No Brasil, eventos de seca já foram responsáveis por mais de 80% de perda de rendimento em safras de grãos, como na soja cultivada no Paraná e no Rio Grande do Sul em 2004/05, evidenciando a necessidade de estratégias locais de mitigação e adaptação (Nepomuceno; Neumaier; Farias, 2021).

A salinização do solo é um estresse abiótico severo que afeta negativamente o crescimento e o desenvolvimento das plantas, afetando principalmente a osmose

e levando a anormalidades fisiológicas. A condição surge do acúmulo excessivo de sal no solo, devido principalmente a atividades antropogênicas, como irrigação, uso inadequado do solo e fertilização excessiva (Balasubramaniam et al., 2023).

Entre os diferentes estresses ambientais, o estresse pelo frio pode afetar significativamente a atividade fisiológica da planta, o metabolismo bioquímico, o crescimento, o desenvolvimento e a produtividade das culturas. O estresse pelo frio induz danos à membrana celular, redução na atividade das enzimas de eliminação de espécies reativas de oxigênio, perda de energia no aparelho fotossintético e estabilidade das proteínas (Adhikari et al., 2022).

O aumento da intensidade do aquecimento global está elevando as taxas de eventos ligados a seca em todo o mundo, se tornando cada vez mais severas, causando sérios impactos na produtividade e na qualidade dos cultivos. Para sobreviver a condições adversas, como o estresse por déficit hídrico, as plantas desenvolveram mecanismos específicos para lidar com essa situação adversa, como vias regulatórias, envolvendo fatores de transcrição, fitohormônios, movimento estomático, substâncias osmóticas, sRNA e sistemas antioxidantes (Cao et al., 2024c).

Em variedades de aveia, o estresse abiótico causado pela seca provoca uma redução na altura da planta e na biomassa aérea e subterrânea, sendo que as variedades suscetíveis exibem reduções mais acentuadas (Chen et al., 2025). Fisiologicamente, a aveia sob estresse por seca responde com um aumento no conteúdo de malondialdeído (MDA), açúcares solúveis (SS) e na atividade de enzimas antioxidantes como superóxido dismutase (SOD) e peroxidase (Chen et al., 2025; Xie et al., 2021).

2.5 Seca, déficit hídrico, e estresse osmótico

A falta de água e seus efeitos nas plantas apresentam um dos maiores desafios da agricultura moderna. Em 2024 cerca de 30% do planeta sofreu com períodos de estiagem extrema de mais de três meses, em comparação com 5% na década de 1980 (Romanello et al., 2024). A cultura da aveia não fica de fora desse

cenário global. Zhao et al. (2021) afirmam que em alguns casos os efeitos da seca podem reduzir em até 69% a produtividade da *Avena sativa*.

A seca é um fenômeno que é caracterizado pela redução da precipitação em uma área, ao longo de um período extenso, como uma estação ou ano (Vincent et al., 2022). Plantas que passam por eventos de seca, podem enfrentar um fenômeno denominado déficit hídrico, que se define como o desequilíbrio entre a disponibilidade de água e sua demanda (FAO, 2025). Dependendo da severidade do déficit hídrico, é possível que as funções fisiológicas e bioquímicas da planta sejam negativamente afetadas. Esse fenômeno pode ser denominado estresse hídrico, que apesar de nesse contexto se referir a falta de água, pode também ser utilizado quando em presença de água em excesso.

O impacto direto do estresse hídrico (seca) sobre as plantas é denominado estresse osmótico, que provoca um desequilíbrio na turgescência celular e limita o desenvolvimento das plantas (Zhang et al., 2022a). O estresse osmótico pode ser desencadeado por falta de água, salinidade, frio, excesso de água, e por algumas substâncias como o polietileno glicol (PEG-6000) (Shinozaki; Shinozaki, 2006).

Alguns dos principais efeitos do déficit hídrico são, a redução da taxa fotossintética, normalmente pela oclusão de estômatos, danos em membranas e disrupções no funcionamento de enzimas (Farooq et al., 2012). Para tolerar esses períodos de estresse, as plantas possuem diversas respostas, tanto fisiológicas quanto bioquímicas. Mecanismos como a produção de osmólitos, fitormônios de sinalização, como o ácido abscísico, e substâncias antioxidantes são exemplos de meios que as plantas utilizam para tolerar períodos de falta de água (Yang et al., 2021). Dentre os compostos produzidos estão proteínas, açúcares e álcoois solúveis, poliaminas, prolina e glicina betaína, que desempenham os mais variados efeitos na fisiologia e bioquímica vegetal (Cao et al., 2024a).

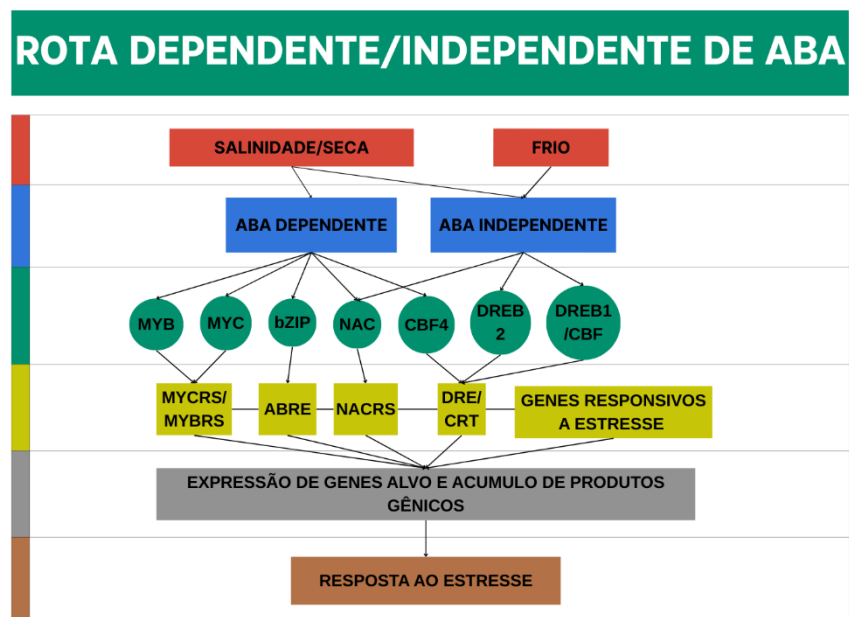
Os osmólitos tem a função de regular a osmose celular, sendo compostos de baixo peso molecular (Ozturk et al., 2020). Os fitormônios são moléculas de sinalização bioquímica produzidos em pequenas quantidades, porém de grande relevância. Alguns dos fitormônios que atuam na resposta ao estresse hídrico são, ácido abscísico (ABA), auxina, ácido giberélico, citocinina, jasmonatos,

brassinosteróides, estrigolactonas, entre outros (Salvi et al., 2021). O ABA atua no controle do crescimento e desenvolvimento da planta, germinação, senescência, abscisão, resposta a estresses abióticos, entre outras funções. As respostas ao estresse osmótico podem ser divididas em dois mecanismos, os dependentes de ABA e os independentes de ABA (Soma et al., 2021).

Os componentes centrais da sinalização dependente de ABA incluem, os receptores de ABA PYR (resistência a pirabactina)/PYL (semelhante ao PYR1)/RCAR (componente regulador do receptor de ABA), e as proteínas transdutoras de sinal PP2Cs (fosfatases de proteína 2C) e SnRK2s (proteínas quinases relacionadas à sucrose não fermentadora-1) (Chen et al., 2019). As fosfatases PP2C atuam como reguladores negativos da via e inibem as quinases SnRK2, desfosforilando-as (Cao et al., 2024b). As SnRK2 são ativadas após a desativação das PP2C pelo complexo ABA-receptor e, em seguida, ativam alguns fatores de transcrição responsivos ao ABA, como ABI5 (ABA insensitivo 5), ABI4 (ABA insensitivo 4) e ABFs (fatores de ligação ao elemento responsivo ao ABA - ABRE), para regular positivamente genes responsivos ao ABA (Chen et al., 2019).

Ao iniciar um período de déficit hídrico, os mecanismos independentes de ABA são os primeiros a entrarem em ação, já que a planta ainda está acumulando o ácido abscísico. Os mecanismos independentes de ABA funcionam quando há detecção de sinalização para ativar sistemas regulatórios que respondem ao estresse por déficit hídrico, incluindo estresse osmótico, estresse por EROs, estresse mecânico e outros sinais de estresse (Soma et al., 2021). Muitas moléculas sinalizadoras, como EROs (H_2O_2), NO, Ca^{2+} , poliaminas (PAs) e outras, são bem conhecidas e já foram identificadas nas vias de percepção e transdução de sinal em plantas (Hussain et al., 2021). Essas vias também respondem a FTs, como DREB2A/CBF e NAC, que se ligam diretamente aos promotores de genes responsivos à seca (por exemplo, *LEA* e *HSPs*) para aumentar a síntese de osmoprotetores e a proteção celular, dentre outras possíveis funções (Motshwene et al., 2004; Singh et al., 2022b; Soma et al., 2021). A interação dos fatores de transcrição que atuam na sinalização ABA dependente e ABA independente pode ser observada na figura 1.

Figura 1 - Representação esquemática da rede regulatória transcricional envolvida na transdução de sinal sob estresses abióticos, incluindo a seca. MYC, MYB e bZIP atuam apenas por meio de uma via dependente de ABA. NAC regula a expressão de genes a jusante tanto por vias dependentes quanto independentes de ABA. O fator de transcrição DREB2 regula a tolerância à salinidade e à seca por meio de uma via independente de ABA. DREB1/CBF também regula a tolerância ao frio por meio de uma via independente de ABA distinta. CBF4 é o único fator de transcrição DREB que regula a tolerância à seca e à salinidade por meio de uma via dependente de ABA. MYCRS, MYBRS e NACRS: Sequência de reconhecimento de MYC, MYB e NAC. ABRE: Elemento de reconhecimento de ABA. DRE/CRT: Elemento responsivo à dessecação/C-Repeat.



Fonte: Adaptado de Khan et al. (2022).

Os fatores de transcrição são proteínas multidomínio que regulam a expressão gênica em organismos eucariotos. Eles constituem uma das maiores famílias de proteínas, sendo estrutural e funcionalmente diversificados (Thakur; Vasudev, 2022). Além disso, FTs contêm domínio de ligação, que se ligam a sequências específicas de DNA (promotor) adjacentes aos genes regulados, além de domínio de ativação, que contém sítios de ligação para outras proteínas (Hussain et al., 2021). Os principais fatores de transcrição são, MYB (*Myeloblastosis Oncogene*), MYC (*Myelocytomatosis Oncogene*), CBF4 (*C-Repeat Binding Factors*), NAC (*NAM-ATAF-CUC2*), WRKY, DREB (*Dehydration-responsive element-binding*), bHLH (*Basic Helix-Loop-Helix*), HD-Zip (*Homeodomain-Leucine Zipper*), ZFP (*Zinc Finger Proteins*), ERF (*Ethylene-Responsive Factor*) e HSF

(*Heat Shock Factor*) (Hussain et al., 2021; Kim et al., 2024; Su et al., 2022; Thakur; Vasudev, 2022; Xiong et al., 2025).

Dentre os FTs de maior importância na resposta ao déficit hídrico, os DREBs têm destaque. Esses fatores de transcrição são específicos de plantas, atuam independentes de ABA, pertencentes à família de fatores de transcrição AP2/ERF (*APETALA2/ethylene-responsive element-binding*) (Kim et al., 2024). Os DREBs são divididos em duas subclasses, DREB1/CBF e DREB2, sendo o primeiro induzido por estresse por frio, e o segundo por déficit hídrico, e estando envolvido na sinalização de estresse por seca e salinidade (Agarwal et al., 2006). Os DREB2 regulam a expressão de genes ligados a resposta aos efeitos da seca, sendo seu aparecimento, um sinal para ativação de uma série de mecanismos da planta que induzem a tolerância (Izadi-Darbandi et al., 2023).

A ativação dos mecanismos dependentes e independentes de ABA resultam na regulação da expressão de diversos genes ligados a tolerância a seca. Alguns dos principais genes que atuam nos primeiros momentos de exposição ao estresse osmótico são os *SnRK2*, *PP1*, *PP2A*, *PP2C* e *PYR/PYL/RCAR*, devido a sua relação com a sinalização para a síntese de ABA (Luan, 2003; Sang-Youl et al., 2009). Os genes envolvidos na biossíntese de ABA são, *crtZ*, *LUT5*, *ZEP*, *NCED*, *ABA2* e *AAO3*, outros como, *crtB*, *PDS*, *Z-ISO*, *ZDS*, *crtISO*, *lcyB*, *CYP707A*, *CCD7*, *LUT1* e *VDE* estão ligados na produção de carotenóides (Jantan et al., 2023).

Os mecanismos que atuam combatendo o déficit hídrico geram espécies EROs, que causam estresse oxidativo. Como mecanismo de resposta, as plantas produzem antioxidantes. Esses antioxidantes trabalham neutralizando as EROs. São exemplos de antioxidantes enzimáticos a superóxido dismutase, catalase, ascorbato peroxidase, entre outros (Salvi et al., 2021). Nas plantas, também existem antioxidantes não enzimáticos, como compostos fenólicos, o ácido ascórbico (vitamina C, ASC), a glutatona (GSH), os tocoferóis (vitamina E) e os carotenos (provitamina A), que atuam em conjunto com as enzimas antioxidantes para tolerar a geração intracelular de EROs (Gupta et al., 2018).

2.6 DNA

O DNA (ácido desoxirribonucleico) codifica instruções genéticas essenciais para o desenvolvimento, funcionamento e reprodução de todos os organismos vivos. Estruturalmente, o DNA é uma dupla hélice composta por nucleotídeos, cada um contendo três componentes; uma molécula de açúcar (desoxirribose); um grupo fosfato; e uma das quatro bases nitrogenadas, adenina (A), timina (T), citosina (C) ou guanina (G) (Watson; Crick, 1953).

O DNA funciona como um modelo para a síntese de RNA e proteínas por meio da transcrição e tradução. Durante a transcrição, a RNA polimerase copia a sequência de DNA de um gene em RNA mensageiro (mRNA), que transporta o código para os ribossomos, onde ocorre a tradução em proteínas. Essas proteínas desempenham diversas funções, desde a catálise de reações bioquímicas até o fornecimento de suporte estrutural. Mecanismos epigenéticos, como a metilação do DNA e a modificação de histonas, regulam ainda mais a expressão gênica, permitindo que as plantas se adaptem a estresses ambientais, como seca ou salinidade (Shaikh et al., 2022).

Marcadores moleculares, como polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) e repetições de sequência simples (SSRs), permitem que os melhoristas identifiquem regiões genômicas associadas a características desejáveis, como resistência a doenças ou eficiência nutricional, acelerando os processos de seleção (Kumar et al., 2024; Sun et al., 2024). Já ferramentas de edição gênica, como CRISPR/Cas9, revolucionaram o melhoramento de precisão ao possibilitar modificações direcionadas em genes que controlam características como tolerância à seca ou teor de vitaminas, sem a introdução de DNA exógeno (Ahmad, 2024; Li et al., 2024).

Além disso, técnicas como a seleção genômica (GS) utilizam dados de DNA para prever o desempenho das plantas, integrando abordagens multiômicas, para adaptar as culturas a ambientes específicos. Estudos de associação genômica ampla (GWAS) possibilitam o mapeamento de genes associados com características de interesse (Kumar et al., 2024). Essas tecnologias são essenciais para enfrentar os desafios da segurança alimentar global, garantindo uma

agricultura sustentável diante das mudanças climáticas e do crescimento populacional (Huang et al., 2022).

2.7 RNA

O ácido ribonucleico (RNA) é uma biomolécula versátil essencial para traduzir informações genéticas em proteínas funcionais. Estruturalmente, o RNA consiste em uma cadeia simples de nucleotídeos, cada um contendo um açúcar ribose, um grupo fosfato e uma das quatro bases nitrogenadas: adenina (A), uracila (U), citosina (C) e guanina (G) (Cao et al., 2024b). Diferente do DNA, sua estrutura de fita simples permite a formação de estruturas secundárias e terciárias complexas, como alças em hastes (*stem-loops*), grampos (*hairpins*) e G-quadruplo (*G-quadruplexes*), que são fundamentais para suas funções regulatórias (Sun et al., 2022; Zhang et al., 2024).

O RNA abrange diversas classes que desempenham papéis essenciais na expressão e regulação gênica. Dentre os diferentes tipos, pode-se destacar; o RNA mensageiro (mRNA) atua como intermediário transitório entre o DNA e a síntese de proteínas (Muller et al., 2025). Os RNAs não codificadores (ncRNA) incluem o RNA transportador (tRNA) e o RNA ribossomal (rRNA), que são fundamentais para a tradução: o tRNA decodifica os códons do mRNA por meio de alças anticódon, enquanto o rRNA forma o núcleo catalítico dos ribossomos (Cao et al., 2024b).

Existem outros tipos de RNA como o *small nuclear RNA* (snRNA) que fazem parte do spliceossomo que remove os íntrons dos genes de eucariotos; *small nucleolar RNA* (snoRNA) que atuam em modificações pós-transcricionais dos rRNA, tRNA e snRNA; *long noncoding RNA* (lncRNA) com funções regulatórias; *small noncoding RNA* (sncRNA) que incluem micro RNAs (miRNAs), que regulam a expressão gênica ao se ligarem a alvos de mRNA; *small interfering RNA* (siRNAs) que atuam de modo semelhante aos miRNAs; RNAs circulares (circRNAs), moléculas estáveis que atuam como esponjas de miRNA ou moldes para a tradução de proteínas; e os *transfer RNA-derived small RNAs* (tsRNAs), que regulam a expressão gênica nos níveis transcricional e/ou pós-transcricional (Fan et al., 2022; Haseltine et al., 2024; Pandita; Pandita, 2023; Zhu et al., 2018).

2.8 Genoma

O genoma é o conjunto completo do material genético dentro de um organismo, abrangendo todas as sequências de DNA, incluindo genes codificadores de proteínas, elementos regulatórios não codificantes e regiões estruturais, como centrômeros e telômeros. Os genomas servem como planos para entender processos biológicos e impulsionar inovações na medicina e biotecnologia (Williams et al., 2020). Na agricultura, eles orientam o melhoramento de culturas, através da identificação de genes responsáveis pela tolerância ao estresse, produtividade e qualidade nutricional (Nan et al., 2023).

A análise genômica estuda a sequência completa de DNA de um organismo, incluindo genes, regiões não codificantes e variações estruturais, para revelar os mecanismos genéticos ligados às características. Utilizam-se marcadores moleculares para identificar locos ligados a características agronômicas, seleção de genes e ferramentas de edição gênica para modificações precisas, como resistência a doenças ou tolerância ao estresse (Kumar et al., 2024).

Estudos do genoma integram abordagens multiômicas, como genômica, transcriptômica e proteômica, com bioinformática para decifrar a função e a regulação dos genes. A genômica funcional investiga como os genes interagem sob diferentes condições, utilizando ferramentas como CRISPR/Cas9 para edição gênica direcionada e RNA-Seq para perfis transcriptômicos (Bazzer et al., 2025). Além disso, abordagens de mapeamento genético são empregadas para identificação de regiões do genoma que controlam características de interesse agrônomo. É possível observar a aplicação dessas técnicas na identificação de locos de características quantitativas (QTLs), como aqueles influenciando a síntese de β -glucana na aveia, fundamentais para o desenvolvimento de variedades mais nutritivas (Tinker et al., 2022).

O genoma da aveia branca é altamente complexo devido à sua natureza alohexaplóide, derivada de três espécies diploides ancestrais, e ao seu tamanho (~10,9 Gb), dominado por elementos repetitivos (64–87%), como elementos transponíveis e repetições (He et al., 2024; Peng et al., 2022). Estudos recentes

revelam rearranjos genômicos em larga escala, incluindo translocações entre subgenomas, que são conjuntos de genes originários de um ancestral em particular, e arquiteturas cromossômicas em mosaico que alteram a sintenia e os padrões de recombinação (He et al., 2024; Kamal et al., 2022; Schiavinato et al., 2021). Essas variações estruturais, combinadas com uma distribuição genética desigual entre os subgenomas (por exemplo, menor densidade gênica no subgenoma C), criam barreiras para o melhoramento genético e a montagem do genoma (Kamal et al., 2022; Peng et al., 2022).

Avanços no sequenciamento e no uso de técnicas de nova geração (NGS) como *high-throughput chromatin conformation capture (Hi-C scaffolding)* têm ajudado a resolver essas complexidades (Peng et al., 2022; Yamaguchi et al., 2021). Essa técnica consiste em um método que investiga a arquitetura tridimensional de genomas inteiros por meio do acoplamento de ligação baseada em proximidade com sequenciamento massivamente paralelo (Lieberman-Aiden et al., 2009). Apesar dos desafios, montagens de genomas recentes sem lacunas permitem o mapeamento preciso de características agrônomicas e oferecem novas perspectivas evolutivas, destacando a complexidade do genoma da aveia (Kamal et al., 2022; Li et al., 2025).

2.9 Transcriptoma

O transcriptoma engloba o conjunto completo de moléculas de RNA. Fazem parte do transcriptoma RNA mensageiro (mRNA), RNAs não codificantes (ncRNAs) e RNAs reguladores, que são produzidos em um momento específico, refletindo a expressão gênica dinâmica sob condições biológicas ou ambientais variadas (Guo et al., 2025). Ao contrário do genoma, o transcriptoma é altamente adaptável, capturando estados celulares em tempo real e mecanismos regulatórios como *splicing* alternativo, edição de RNA e modificações pós-transcricionais (Guo et al., 2025; Xu; Wang, 2025).

A análise de todo transcriptoma ocorre utilizando técnicas sofisticadas de biotecnologia. O método mais antigo são os *microarrays*, que consistem em placas contendo oligonucleotídeos ou cDNAs, a qual se ligam a trechos aleatórios da

amostra fornecida (Aharoni; Vorst, 2001; Triposy, 2023). Os *microarrays* foram desenvolvidos na década de 1990, com os primeiros resultados sendo publicados em 1995, representando um método global de análise de expressão gênica, sendo capaz de investigar milhares de genes simultaneamente (Afzal et al., 2023).

Outro método de estudo de todo transcriptoma, mais moderno e com maior capacidade, é o sequenciamento de RNAs (RNA-seq), que foi desenvolvido há cerca de 20 anos (Weber, 2015). Essa ferramenta é consideravelmente mais eficiente do que os *microarrays*, pois pode detectar transcritos novos, mesmo em baixa abundância, RNA não codificante, expressão alélica específica e junções de *splicing* alternativo. O RNA-seq não requer conhecimento prévio de anotações ou montagens de sequências (Afzal et al., 2023).

Estudos recentes utilizam o sequenciamento de RNA para estudar respostas moleculares sob estresse abiótico, oferecendo *insights* sobre mecanismos de tolerância à seca. Essa técnica já vem sendo usada há anos com resultados promissores, como o estudo do pan-transcriptoma na *Hordeum vulgare* L (Guo et al., 2025), plasticidade genômica em *Oryza sativa* (Kumar et al., 2022), análise de genes ligados à formação de grão em *Avena sativa* (Wang; Han, 2023), dentre outros.

2.9.1 RNA-Seq

O RNA-Seq é uma técnica de alta resolução que permite capturar o perfil completo de transcrições presentes em uma amostra, proporcionando uma visão abrangente do transcriptoma. Essa abordagem consiste no sequenciamento de fragmentos de RNA convertidos em cDNA, permitindo quantificar a expressão gênica e identificar novos transcritos, variantes de *splicing* e RNAs não codificadores (Deshpande et al., 2023).

Para aplicação desse método de análise de RNA, primeiramente são elaboradas bibliotecas contendo as leituras de RNA, analisadas quanto a qualidade, alinhamento, quantificação, normalidade e validade perante bancos de dados (Deshpande et al., 2023; Ejigu; Jung, 2020). Em seguida, os transcritos

quantificados são comparados com genomas, como os disponíveis no *eletronic data archive library* (EDAL) (Lux, 2022).

Além da montagem, a análise dos dados de RNA-seq envolve o alinhamento dos *reads*, a referência, a quantificação dos transcritos e a identificação de genes diferencialmente expressos, também permitindo a análise de eventos de *splicing* e a detecção de transcritos não anotados (Conesa et al., 2016). Com a utilização de abordagens computacionais e bioinformática, é possível interpretar a complexa regulação do transcriptoma, contribuindo para a descoberta de novos biomarcadores e o entendimento dos mecanismos moleculares subjacentes a diversos fenômenos biológicos (Conesa et al., 2016; Deshpande et al., 2023).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material vegetal

Para identificação de uma cultivar de aveia branca com melhor desempenho sob estresse osmótico foram testados 12 genótipos, oriundos de diferentes programas de melhoramento (Tabela 1), e três ambientes de cultivo.

Tabela 1 - Lista de cultivares utilizadas nos experimentos sob estresse osmótico

Cultivares	Programas de melhoramento
FAEM Barbarasul	Universidade Federal de Pelotas
FAEM 4 Carlasul	Universidade Federal de Pelotas
FAEM 5 Chiarasul	Universidade Federal de Pelotas
IPR Afrodite	Instituto Agronômico do Paraná
IPR Andromeda	Instituto Agronômico do Paraná
IPR Artemis	Instituto Agronômico do Paraná
IPR Esmeralda	Instituto Agronômico do Paraná
URS Altiva	Universidade Federal do Rio Grande do Sul
URS Olada	Universidade Federal do Rio Grande do Sul
URS Poente	Universidade Federal do Rio Grande do Sul
URS Pujante	Universidade Federal do Rio Grande do Sul
URS Taura	Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Fonte: O autor (2025).

Inicialmente, foram utilizadas duas cultivares de aveia branca (FAEM Barbarasul e IPR Afrodite), selecionadas de modo aleatório, para determinar o período de estresse por seca em solo. Sessenta sementes de cada cultivar foram semeadas em bandejas com dimensões 60cm x 40cm x 15cm, contendo solo da região do Capão do Leão, Rio Grande do Sul. O experimento foi conduzido em sala de crescimento, a 20°C \pm 2, e fotoperíodo de 12/12 horas (Zhang et al., 2022b; Zhu et al., 2024) Foi utilizado delineamento inteiramente casualizado, com três repetições, sendo cada repetição composta por vinte plântulas.

O manejo foi realizado conforme as recomendações da Comissão Brasileira de Pesquisa de Aveia (CBPA) (SETREM, 2021). Manteve-se a irrigação, conservando o solo em condições ótimas para as plântulas até o estágio V2 (Xie et al, 2021). Posteriormente, as plântulas do tratamento déficit hídrico foram mantidas sem irrigação até se verificar sintomas de falta de água, que ocorreram após 11 dias. Foi determinado 11 dias sem irrigação como período de estresse no solo.

Posteriormente, foi determinada a concentração de polietileno glicol 6000 (PEG-6000) com maior efeito nas plântulas de aveia branca. Para isso, as sementes de uma cultivar selecionada aleatoriamente (FAEM 4 Carlasul) foram transferidas para uma solução de hipoclorito de sódio a 1% por 10 minutos e enxaguadas com água destilada três vezes (Xie et al., 2021).

Foram testados tratamentos com PEG-6000: 0% (Ψ_s 0,0 MPa); 10% (Ψ_s - 0,15 MPa), 15% (Ψ_s -0,30 Mpa), 20% (Ψ_s -0,50 Mpa) e 25% (Ψ_s -0,75 Mpa) a 20°C, determinadas utilizando a fórmula:

$$\Psi_s = [- (1,18 \times 10^{-2}) C - (1,18 \times 10^{-4}) \times C^2 + (2,67 \times 10^{-4}) CT + (8,39 \times 10^{-7}) C^2 T]/10$$

Onde C representa a concentração de PEG-6000, T representa a temperatura e Ψ_s representa a concentração de PEG-6000 (Michel; Kaufman, 1973; Villela et al., 1991).

Vinte sementes foram acondicionadas em papel Germitest®, que é um papel especialmente desenvolvido para testes de germinação, hidratado com água destilada 2,5x o seu peso e levados para câmara de germinação do tipo BOD, com temperatura controlada de 20 \pm 2°C e fotoperíodo de 12/12 horas (Huang et al., 2024a). Após 72 horas, as plântulas foram transferidas para novos rolos hidratados com as soluções de PEG-6000 com as diferentes concentrações e mantidas nessa condição por sete dias (Gong et al., 2022). Foi utilizado delineamento inteiramente casualizado, com três repetições, sendo cada repetição composta por um rolo de papel Germitest contendo vinte plântulas.

Ao final do período de estresse (sete dias), dez plântulas de cada repetição e de cada tratamento foram aleatoriamente selecionadas e avaliadas quanto ao comprimento de parte radicular (CPR), comprimento de parte aérea (CPA), massa

seca de parte radicular (MSPR) e massa seca de parte aérea (MSPA) (Gong et al., 2022). As medidas de comprimento foram obtidas utilizando régua graduada (Figura 2). Para as medidas de massa seca de parte aérea e radicular da plântula foi feita a separação dos tecidos e as amostras foram acondicionadas em sacos de papel e mantidas em estufa de ar forçado a 70°C até alcançar peso constante (Figura 3). O peso foi aferido usando balança de precisão (0,001mg, Shimadzu). Nos dados obtidos foram feitas análises de normalidade dos resíduos, análise de variância e gerados gráficos *box plot*. A análise de dados foi feita no programa R (4.4.1). Após análise constatou-se que a concentração de 25% de PEG-6000 (-0,75 MPa) foi a que apresentou o maior contraste entre os tratamentos, sendo assim a concentração escolhida para o estudo posterior.

Figura 2 - Medição de comprimento de parte aérea (CPA) de plântulas de aveia utilizando régua graduada.



Fonte: O autor (2024).

Figura 3 - Armazenamento de porção aérea e radicular de plântulas de aveia para secagem em estufa de ar forçado.



Fonte: O autor (2024).

Depois de determinar o período de estresse por seca no solo (11 dias) e a dose de PEG-6000 (25% ou -0,75 MPa), foram testados três ambientes para identificação do genótipo com melhor desempenho sob esse estresse. O primeiro foi com solo em uma sala de crescimento, com controle de fotoperíodo e temperatura; o segundo com solo em casa de vegetação, sem controle de temperatura; e o terceiro em câmara de crescimento tipo BOD usando PEG-6000 e papel Germitest, com controle de fotoperíodo e temperatura. Todas as estruturas se encontram na Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel (FAEM).

3.1.1 Sala de crescimento – experimento I

Vinte sementes de cada cultivar (Tabela 1) foram colocadas em linhas individuais demarcadas dentro de bandejas com dimensões 60cm x 40cm x 15cm, contendo solo da região de Capão do Leão, Rio Grande do Sul (Figura 4). O experimento foi conduzido a temperatura controlada de 20 ± 2 °C, e fotoperíodo de 12/12 horas (Zhang et al., 2022b; Zhu et al., 2024). Foi utilizado delineamento de blocos ao acaso, com três repetições, sendo cada repetição composta de uma linha com vinte plântulas.

Figura 4 - Bandeja plástica contendo solo para plantio das 12 cultivares de aveia branca.



Fonte: O autor (2024).

O manejo foi realizado conforme as recomendações da CBPA (SETREM, 2021). Na condição controle, as plantas receberam irrigação durante todo o período (19 dias), enquanto na condição de déficit hídrico, as plantas foram irrigadas somente até atingirem o estágio V2 (oito dias) e permaneceram sem irrigação por 11 dias.

Ao final do período de estresse, dez plântulas de cada cultivar, de cada repetição e de cada tratamento (controle e seca) foram aleatoriamente selecionadas e avaliadas quanto ao CPR, CPA, MSPR e MSPA. Essas medidas foram feitas conforme descrito acima no item 3.1.

3.1.2 Casa de vegetação – experimento II

Vinte sementes de cada cultivar foram colocadas em linhas individuais demarcadas dentro de bandejas com dimensões 60cm x 40cm x 15cm, contendo solo da região de Capão do Leão, Rio Grande do Sul. O experimento foi conduzido no mês julho de 2024 em casa de vegetação não climatizada, com temperatura média de $23^{\circ}\text{C} \pm 2^{\circ}\text{C}$, a qual foi aferida diariamente no ambiente de cultivo por meio de um termômetro digital. Foi utilizado delineamento de blocos ao acaso, com três repetições, sendo cada repetição composta de uma linha com vinte plântulas.

O manejo foi realizado conforme as recomendações da CBPA (SETREM, 2021). Na condição de controle as plantas receberam irrigação durante todo período (19 dias), enquanto na condição de déficit hídrico, as plantas foram irrigadas somente até atingirem o estágio V2 (oito dias) e permaneceram sem irrigação por 11 dias.

Ao final do período de estresse, dez plântulas de cada cultivar, de cada repetição e de cada tratamento (controle e seca) foram aleatoriamente selecionadas e avaliadas quanto ao CPR, CPA, MSPR e MSPA. Essas medidas foram feitas conforme descrito acima no item 3.1.

3.1.3 Câmara de crescimento tipo BOD – experimento III

As sementes de cada cultivar foram transferidas para uma solução de hipoclorito de sódio a 1% por 10 minutos e enxaguadas com água destilada três vezes. Após o processo de desinfecção, vinte sementes de cada cultivar foram acondicionadas em papel Germitest, hidratado com água destilada 2,5x o seu peso e levados para câmara de germinação do tipo BOD, com temperatura controlada de $20 \pm 2^\circ\text{C}$ e fotoperíodo de 12/12 horas (Huang et al., 2024b). Após 72 horas as plântulas foram transferidas para papel Germitest hidratado com PEG-6000 a 25% (estresse osmótico/ $-0,75 \text{ MPa}$) ou com água destilada (controle/ $0,0 \text{ MPa}$), onde permaneceram por sete dias (Mut; Akay, 2010). Na condição controle o papel Germitest foi hidratado com água destilada ao longo do período de estresse. Foi utilizado delineamento inteiramente casualizado, com três repetições, sendo cada repetição composta por um rolo de papel Germitest com vinte plântulas.

Ao final do período de estresse (sete dias), dez plântulas de cada cultivar, de cada repetição e de cada tratamento (controle e estresse osmótico) foram aleatoriamente selecionadas e avaliadas quanto ao CPR, CPA, MSPR e MSPA. Essas medidas foram feitas conforme descrito acima no item 3.1.

3.1.4 Análise estatística

Os dados coletados dos três experimentos (ambientes de cultivo) foram transformados em desempenho relativo, utilizando a fórmula abaixo (Yu et al., 2023):

$$\text{Desempenho Relativo} = (\text{medida da variável na condição de estresse} / \text{medida da variável na condição controle}) * 100$$

Após transformação em desempenho relativo os dados dos três experimentos foram analisados no programa R (4.4.1), sendo feitas análises de normalidade dos resíduos pelo teste de Shapiro-Wilk e homogeneidade pelo teste de Bartlett (Bartlett, 1937; Shapiro; Wilk, 1965).

No experimento I (sala de crescimento) e II (casa de vegetação) os dados de CPR, CPA, MSPR e MSPA não apresentaram distribuição normal, sendo necessário a transformação, utilizando a fórmula abaixo (Bartlett, 1936):

$$\sqrt{y}$$

Sendo y o valor a ser transformado.

No experimento III (câmara de crescimento tipo BOD) os dados de CPR e MSPA apresentaram distribuição normal, enquanto os dados de CPA e MSPR precisaram ser transformados utilizando a mesma fórmula dos experimentos I e II.

Posteriormente foi feita análise de variância (ANOVA) e comparação de médias pelo teste Tukey $P < 0,05$ (Tukey, 1949).

3.2 Análise do transcriptoma

Após análise de dados constatou-se que o experimento III (PEG-6000 e câmara de crescimento tipo BOD) possibilitou a separação das cultivares e foi utilizado para seleção da cultivar URS Altiva, que mostrou melhor desempenho sob estresse.

Plântulas da URS Altiva foram cultivadas em condições de estresse osmótico e controle utilizando PEG-6000 em câmara de crescimento do tipo BOD, seguindo a mesma metodologia descrita no item 3.1.3. Ao final do período de estresse (sete dias), parte plantas crescidas sob estresse osmótico e na condição controle tiveram a parte aérea e parte radicular separadas, fixadas em nitrogênio líquido e

armazenadas em ultra freezer (-80° C) até a extração de RNA. O restante das plantas foi analisado quanto CPA, CPR, MSPA e MSR, conforme descrito no item 3.1. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, com três repetições, totalizando 12 amostras (2 tecidos x 2 tratamentos x 3 repetições).

3.2.1 Extração de RNA

O RNA total das 12 amostras foi extraído utilizando o reagente Trizol, conforme recomendações do fabricante. Inicialmente a quantidade e qualidade do RNA foi obtida a partir de leitura em NanoVue e Quantus (Tabela 2), assim como eletroforese em gel de agarose.

Tabela 2 - Quantificação e pureza das amostras de RNA, ng/ul= concentração de RNA por amostra, 260/280= indicador de contaminação por fenóis e proteínas, 260/230= indicador de resíduos de reagentes e contaminação por carboidratos.

Amostra	ng/ul	260/280	260/230
NGS908_1	1200,0	2,16	2,40
NGS908_2	1190,0	2,16	2,44
NGS908_3	1280,0	2,16	2,17
NGS908_4	934,0	2,13	2,14
NGS908_5	806,0	2,18	1,59
NGS908_6	692,0	2,16	1,99
NGS908_7	332,0	2,15	1,91
NGS908_8	270,0	2,13	2,31
NGS908_9	378,0	2,13	1,61
NGS908_10	606,0	2,09	1,34
NGS908_11	718,0	2,12	2,41
NGS908_12	588,0	2,11	2,32

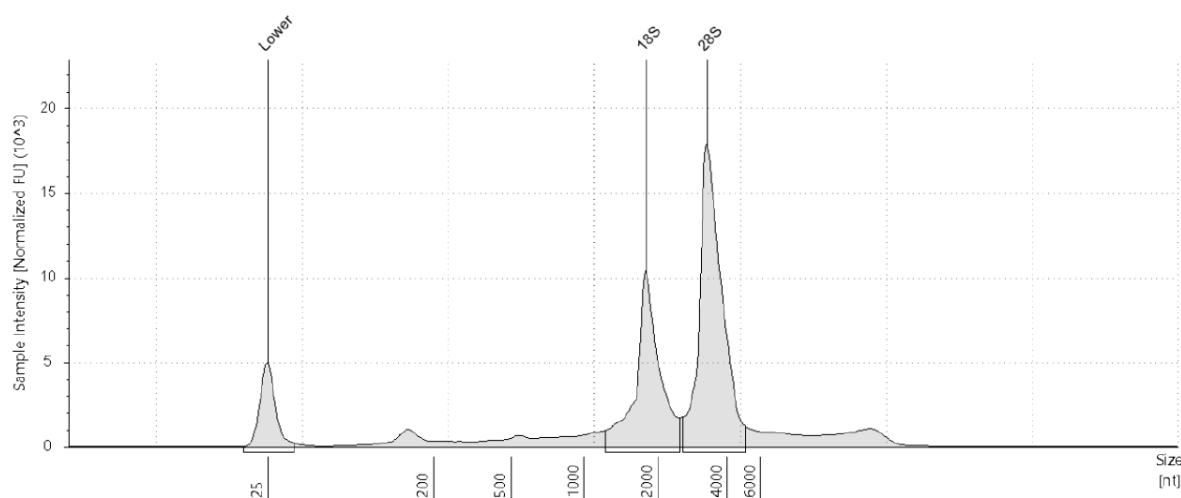
Fonte: O autor (2025).

3.2.2 Preparo de bibliotecas

No laboratório NGS Soluções Genômicas em Piracicaba-SP, foi feita validação das amostras com Bioanalyzer/TapeStation, a qual fornece o valor de integridade de RNA (RIN - *RNA integrity number*). Para sequenciamento o valor mínimo aceito de RIN é 8. O RIN determina a integridade do RNA de uma amostra,

com valores variando de 1 a 10 (sendo 10 a maior qualidade). RIN com valor ≥ 8 é considerado de qualidade adequada (Puchta et al., 2020). O RIN é calculado com base em um traço eletroforético, utilizando um algoritmo que avalia a razão entre os picos de RNA ribossomal (rRNA), especificamente as bandas de rRNA 18S e 28S, que são proeminentes em RNA de alta qualidade (Figura 5) (Gaafar et al., 2021).

Figura 5 – Gráfico com análise RIN de valor 9,4, exemplificando os picos 18S e 28S bem definidos e destacados.



Fonte: O autor (2025).

A construção de biblioteca de RNA foi feita por enriquecimento de poly-A utilizando o kit Illumina Stranded mRNA prep. A quantificação da biblioteca foi feita por PCR quantitativa. A clusterização e o sequenciamento foi feito em equipamento NextSeq 2000 (paired-end 2 x 100) (Illumina) na empresa NGS Soluções Genômicas em Piracicaba-SP.

3.2.3 Análise de dados

As informações do sequenciamento das 12 bibliotecas foram analisadas no laboratório de Bioinformática no Centro de Genômica e Fitomelhoramento da FAEM/UFPeI.

Os dados foram descompactados, gerando 24 arquivos referentes aos trechos lidos (*reads*) e sua qualidade para as duas fitas de cDNA (*forward* e *reverse*). Utilizando o programa FASTQC (Andrews, 2005) foram combinados os

arquivos *forward* e *reverse*, resultando em 12 arquivos pareados. Após isso, foi realizada a limpeza dos dados de qualidade inferior a Q30, a qual resulta em uma probabilidade de identificar corretamente o nucleotídeo de 99,9%, com o programa TRIMOMMATIC (Bolger et al., 2014; Shrestha et al., 2014). Posteriormente os *reads* foram mapeados utilizando a ferramenta HISAT2 (Kim et al., 2019), e os arquivos resultantes foram convertidos do formato SAM para o formato BAM.

Com base no genoma de referência da *Avena sativa* (OT 3098, ENSEMBL) (Kamal et al., 2022; Yao et al., 2022) as *reads* foram mapeadas. A contagem de *reads* mapeados foi feita utilizando a ferramenta HTSEQ (Anders et al., 2015). Em seguida, os arquivos foram conjugados em um só e analisados com o pacote DESeq2 (Anders et al., 2013) do programa R (4.4.1) resultando em arquivos contendo os identificadores de genes diferencialmente expressos (DEGs).

3.3 Identificação e anotação funcional de genes diferencialmente expressos

Para o processo de identificação e anotação de DEGs utilizou-se de parâmetros de seleção de modo a manter apenas os genes significativos ($\text{Adj.p-val} < 0.05$ e $\log_2\text{FC} < -2$ and > 2) (Ma et al., 2025). Um diagrama de Venn foi construído utilizando a ferramenta Venny (Oliveiros, 2007). As sequências de nucleotídeos foram associadas aos identificadores dos genes (IDs) por meio do programa PERL (Wall et al., 1987). Esse processo resultou em arquivos no formato FASTA, contendo os IDs e a sequência de nucleotídeos correspondente. Em seguida, esses arquivos foram comparados com bancos de proteínas do NCBI, com parâmetros de $e\text{-value} \leq 1e-10$ e identidade $\geq 40\%$, e em seguida usando o programa DIAMOND BLASTx se realizou a busca básica de alinhamentos locais (BLAST) (Buchfink et al., 2015; O’Leary et al., 2016).

Posteriormente, foram realizadas as análises com o programa OMICSBOX, consistindo em três etapas principais: *GO-Mapping*, *GO-Annotation* e *GO-Slim* (Ashburner et al., 2000; BIOBAM, 2019). Na primeira (*GO-Mapping*), cada identificador de gene foi vinculado aos termos correspondentes da antologia gênica (GO), atribuindo processos biológicos, funções moleculares e componentes

celulares relevantes. Já o *GO-Annotation* efetuou o enriquecimento funcional, classificando os genes segundo categorias da GO e incorporando anotações de diferentes níveis de confiabilidade para descobrir seu papel em redes metabólicas, vias de sinalização e nas comparações entre espécies. Por fim, o *GO-Slim* consolidou as anotações, agrupando termos específicos em categorias, o que facilita a visualização de padrões funcionais em grandes conjuntos de dados e aprimora a interpretação de resultados genômicos (BIOBAM, 2019; Gotz et al., 2008).

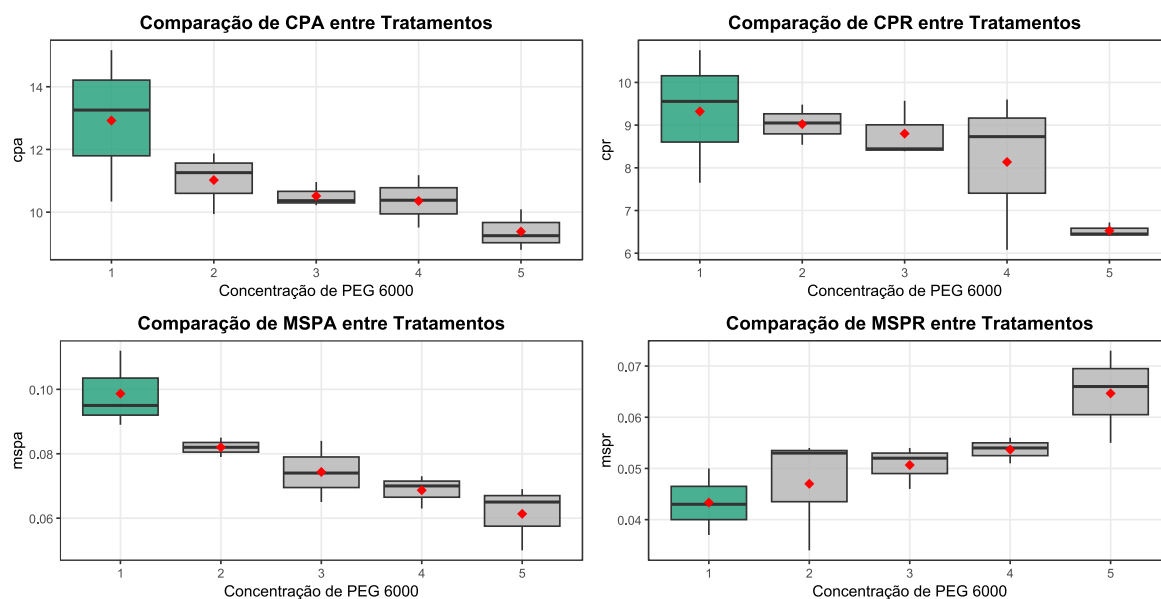
Por fim, foram construídos mapas de calor (*heat maps*) para mostrar o perfil de expressão dos DEGs que se destacaram por estarem entre os mais induzidos ou reprimidos. Os mapas foram gerados utilizando o programa R (4.4.1) com base nos valores de \log_2FC de cada DEG em ambos tecidos.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Dose de PEG-6000

A concentração de PEG-6000 de 25% foi a que teve maior efeito negativo sobre a maioria das variáveis morfológicas (CPA, CPR e MSPA). Comportamento inverso foi observado para MSPR, que apresentou um incremento sob a maior dose de PEG-6000 (Figura 6). Portanto, a concentração de PEG-6000 a 25% (- 0,75 MPa) foi utilizada para seleção de genótipo com desempenho superior sob estresse osmótico.

Figura 6 - Comparação do comprimento de parte aérea (CPA - cm), comprimento de parte radicular (CPR - cm), massa seca de parte aérea (MSPA - g) e massa seca de parte radicular (MSPR - g) em plântulas de aveia branca sob diferentes concentrações de PEG-6000.



Fonte: O autor (2025).

4.2 Experimentos I, II e III

Quando o experimento foi conduzido em sala de crescimento (experimento I) não foi possível constatar diferença significativa entre os genótipos (Tabela 3), os quais também apresentaram sinais de estiolamento. Quando as plantas foram conduzidas em casa de vegetação (experimento II) não houve distinção clara entre os genótipos (Tabela 4). Nesse ambiente também foi possível observar sinais de

estiolamento das plantas. O experimento conduzido em câmara do tipo BOD e usando PEG-6000 (experimento III) possibilitou a distinção do desempenho das cultivares de aveia crescidas sob estresse osmótico (Tabela 5). Nessa condição, a cultivar que apresentou melhor desempenho para CPA e CPR foi a URS Altiva, além disso ela está no grupo das cultivares com maior desempenho para MSPR (Tabela 4). Dessa forma, essa cultivar foi utilizada para análise do transcriptoma sob estresse osmótico e sob condição controle em câmara de crescimento do tipo BOD.

Tabela 3 – Teste ANOVA para os experimentos I, II e III, para comprimento de parte aérea (CPA), comprimento de parte radicular (CPR), massa seca de parte aérea (MSPA) e massa seca de parte radicular (MSPR), onde GL= graus de liberdade; SQ= soma dos quadrados; QM= quadrado médio; F= F estatístico; P-value= valor p; *: Significativo para $p \leq 0,05$.

Experimento I	CPA	CPR	MSPA	MSPR
GL	11	11	11	11
SQ	4,5658	4,5574	19,29	11,204
QM	0,4151	0,4143	1,7536	1,0185
F	1,9132	0,4614	1,6886	0,3781
P-value	0,0891	0,9091	0,1369	0,9523
Experimento II	CPA	CPR	MSPA	MSPR
GL	11	11	11	11
SQ	19,1118	27,4043	7,8271	82,3262
QM	1,7374*	2,4913*	0,7116	7,4842*
F	4,4000	3,2951	0,7160	2,5362
P-value	0,0012	0,0070	0,7124	0,0274
Experimento III	CPA	CPR	MSPA	MSPR
GL	11	11	11	11
SQ	16,9398	27,5110	18,3482	46,0038
QM	1,5400 *	2,5010 *	1,6680 *	4,1822*
F	63,0705	569,2524	164,7232	2,4823
P-value	0,0000	0,0000	0,0000	0,0303

Fonte: O autor (2025).

Tabela 4 - Teste de médias para o experimento II (casa de vegetação), desempenho relativo de comprimento de parte aérea (CPA), comprimento de parte radicular (CPR) e massa seca de parte

radicular (MSPR). Médias seguidas pela mesma letra não diferenciam entre si pelo teste Tukey a 5% de probabilidade de erro.

Cultivar	CPA	CPR	MSPR
FAEM 4 CarlaSul	100,13 A	145,91 A	169,83 A
IPR Afrodite	79,11 AB	91,83 AB	82,34 AB
IPR Artemis	78,56 AB	96,85 AB	74,53 AB
IPR Andromeda	78,48 AB	98,63 AB	64,55 B
FAEM BarbaraSul	73,74 AB	124,46 AB	107,66 AB
FAEM 5 ChiaraSul	73,37 AB	81,33 B	85,81 AB
URS Taura	68,66 AB	116,01 AB	102,84 AB
URS Poente	68,33 AB	115,75 AB	67,53 AB
URS Altiva	60,18 AB	96,57 AB	95,67 AB
IPR Esmeralda	60,06 AB	103,42 AB	61,88 B
URS Olada	58,82 AB	96,53 AB	77,97 AB
URS Pujante	49,75 B	76,74 B	144,00 AB

Fonte: O autor (2025).

Tabela 5 - Teste de médias para o experimento III (câmara de crescimento tipo BOD), desempenho relativo de comprimento de parte aérea (CPA), comprimento de parte radicular (CPR), massa seca de parte aérea (MSPA), massa seca de parte radicular (MSPR). Médias seguidas pela mesma letra não diferenciam entre si pelo teste Tukey a 5% de probabilidade de erro.

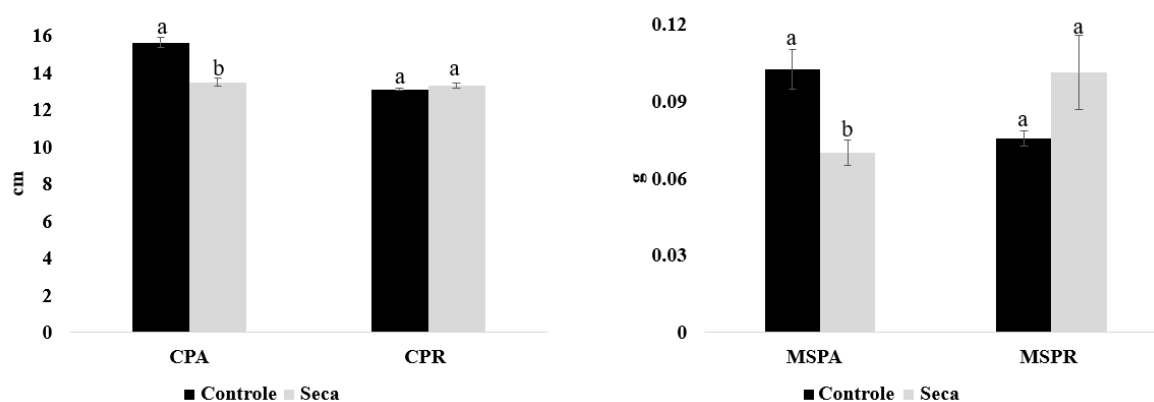
Cultivar	CPA	CPR	MSPA	MSPR
URS Altiva	86,33 A	101,50 A	68,04 FG	134,28 A
IPR Andromeda	78,34 B	88,50 B	91,76 A	117,40 AB
FAEM 4 CarlaSul	77,45 B	88,19 B	67,33 G	79,73 AB
IPR Afrodite	77,06 B	72,14 DE	88,19 AB	86,96 AB
URS Pujante	74,82 BC	83,21 C	77,06 D	84,70 AB
IPR Esmeralda	70,15 CD	74,46 D	83,98 BC	100,93 AB
FAEM 5 ChiaraSul	69,79 CD	87,51 B	66,32 G	81,89 AB
URS Poente	68,04 DE	73,95 D	73,48 DE	93,22 AB
URS Taura	66,32 DE	57,43 H	87,51 AB	75,20 AB
FAEM BarbaraSul	63,11 EF	71,06 E	59,05 H	97,82 AB
URS Olada	59,05 F	65,18 F	71,74 EF	73,30 B

Fonte: O autor (2025).

4.3 Alterações morfológicas de plantas de aveia da cultivar URS Altiva sob estresse por seca e controle

Quando o experimento foi novamente conduzido, utilizando apenas a cultivar URS Altiva para coleta de material para extração de RNA, verificou-se que o tratamento com PEG-6000 a -0,75 MPa (25%) reduziu o comprimento e o peso seco da parte aérea das plântulas de aveia, enquanto não houve diferença significativa entre controle e estresse para comprimento e peso seco da parte radicular (Figura 7).

Figura 7 – Teste de médias para CPA (comprimento de parte aérea), CPR (comprimento de parte radicular), MSPA (massa seca de parte aérea) e MSPR (massa seca de parte radicular) da cultivar URS Altiva sob condição de controle e estresse osmótico.



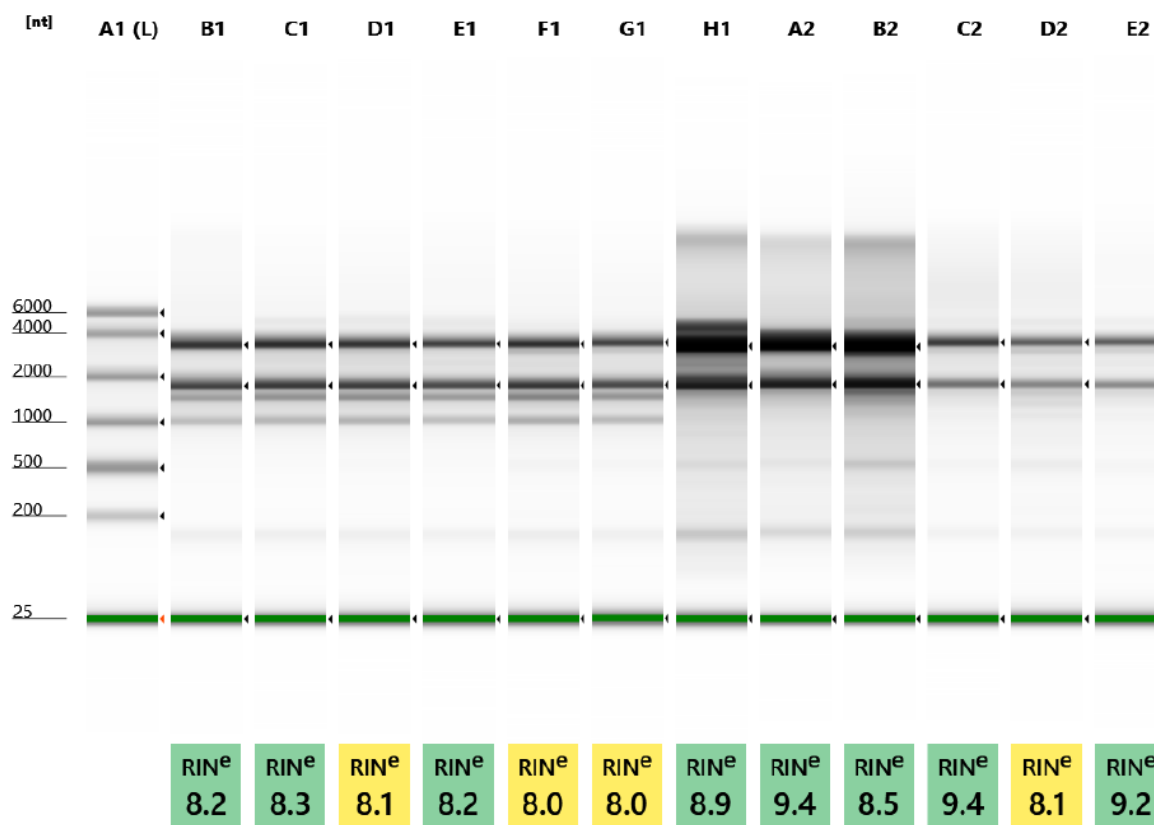
Fonte: O autor (2025).

Nenhum estudo prévio foi desenvolvido avaliando especificamente o desempenho da cultivar URS Altiva sob condições de estresse osmótico. No entanto, essa cultivar destacou-se dentre outras 14 cultivares como uma das mais indicadas para a região Sudeste do Brasil, conhecida por ter um regime hídrico escasso que coincide com a época de cultivo da aveia branca na região (Maia, 2023).

4.4 Integridade das amostras de RNA para análise de RNA-seq

Os valores de qualidade das amostras de RNA avaliados com base no RIN, com parâmetro mínimo de valor oito podem ser observados na figura 8, sendo uma métrica comum para esse tipo de análise, como visto em Qi et al., (2024). É possível notar que todas as amostras apresentaram os valores iguais ou superiores ao valor mínimo aceitável de integridade das amostras.

Figura 8 – Análise de número de integridade de RNA para as 12 bibliotecas produzidas.

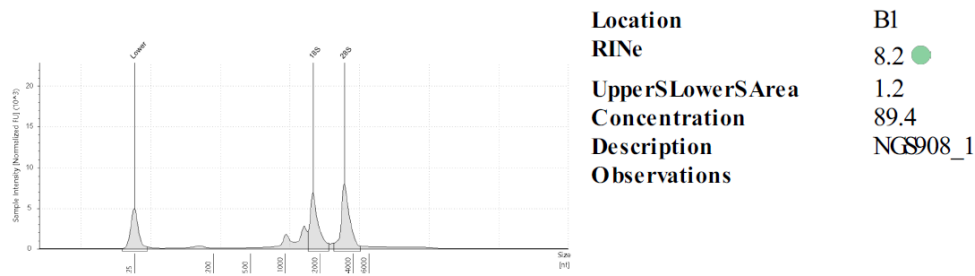


Fonte: O autor (2024).

Na figura 9, é possível observar em mais detalhes uma das amostras analisadas. A interpretação do RIN envolve avaliar a proporção entre os picos de rRNA 18S e 28S, além de observar a presença ou ausência de fragmentos menores que indiquem degradação (Puchta et al., 2020).

Figura 9 - Amostra 1 com RIN de 8,2 (RINe), UpperSLowerSArea: Razão entre Calibrated Conc. [ng/μl] de 28s/18s, Size [nt]: Marcador inferior, Calibrated Conc. [ng/μl]: Concentração calibrada, Assigned Conc. [ng/μl]: Concentração utilizada, Peak Molarity [nmol/l]: Molaridade máxima.

Peak: B1: NGS908_1



Size [nt]	Calibrated Conc. [ng/μl]	Assigned Conc. [ng/μl]	Peak Molarity [nmol/l]	% Integrated Area	PeakComment	Observations
25	36.0	36.0	4240	-		Lower Marker
1739	26.6	-	45.1	45.30		18S
3321	32.2	-	28.5	54.70		28S

Fonte: O autor (2025).

Nesse caso, o pico de 18S está em aproximadamente 26,6 ng/μL (com 45,30% da área integrada) e o de 28S em 32,2 ng/μL (com 54,70% da área integrada). Isso resulta em uma relação de cerca de 1,2 (28S/18S), como é possível ver em “UpperSLowerSArea”, indicando que a quantidade de 28S é maior que a de 18S, o que é positivo para as aplicações de RNA-seq. Geralmente, valores próximos de 2 para essa razão são considerados ideais em termos de integridade do RNA (Puchta et al., 2020).

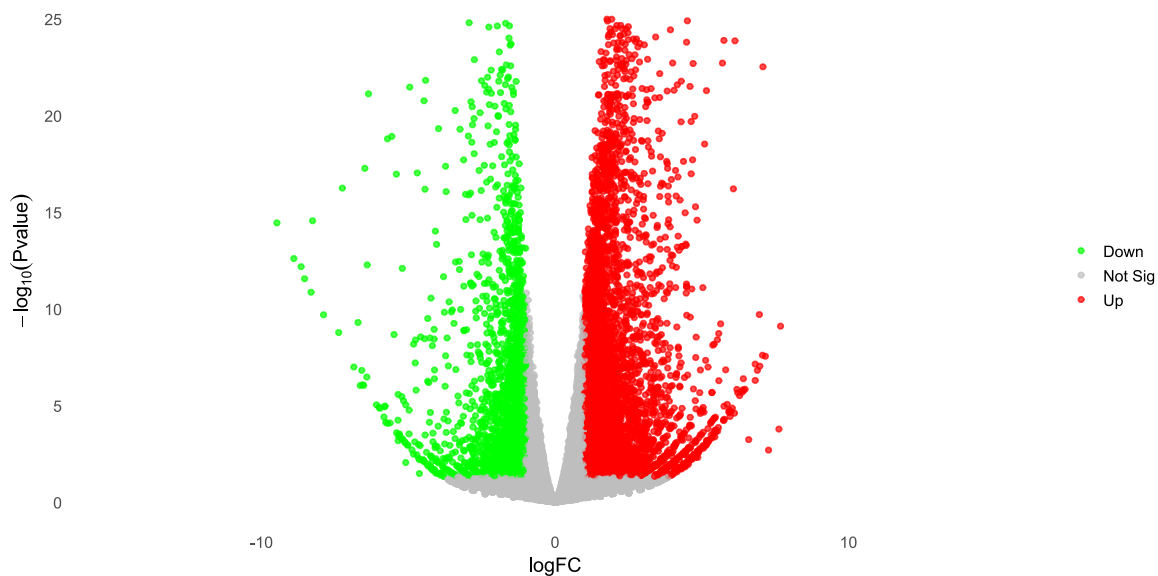
A presença de um pico bem definido de 28S (em torno de 3,3 kb) e outro de 18S (cerca de 1,7 kb), com poucos fragmentos intermediários, sugere que não há degradação significativa, o que reforça a ideia de um RNA de boa qualidade. Também é relevante analisar se existem picos ou “caudas” que indiquem fragmentos menores resultantes de degradação, no caso, o pico do marcador de 25 nt (*lower marker*) aparece claramente, mas sem evidências de “arraste” que apontaria perda de integridade.

4.5 Análise do transcriptoma de plantas de aveia sob controle e estresse osmótico

Foram identificados um total de 59344 genes diferencialmente expressos (DEGs), dos quais 13074 foram significativos para parte aérea (Adj.p-val < 0.05),

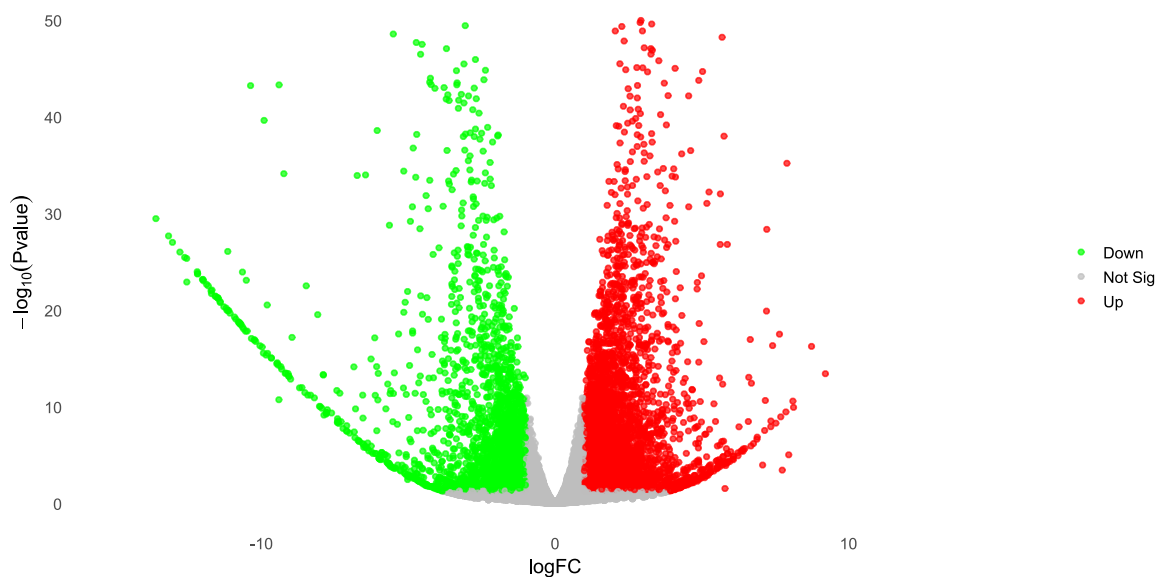
sendo 7807 com expressão induzida (*up-regulated*) e 5267 com expressão reprimida (*down-regulated*) (figura 10). Na parte radicular, 9762 genes foram significativos, dos quais 5785 tiveram sua expressão induzida, enquanto 3977 tiveram sua expressão reprimida (figura 11).

Figura 10 – Gráfico Volcano de genes diferencialmente expressos em parte aérea. logFC: Log2 Fold Change; $-\log_{10}(\text{Pvalue})$: P-value. Down: genes diferencialmente expressos reprimidos; Not Sig: genes não significativos; Up: genes diferencialmente expressos induzidos.



Fonte: O autor (2025).

Figura 11 – Gráfico Volcano de genes diferencialmente expressos em parte radicular. logFC: Log2 Fold Change; $-\log_{10}(\text{Pvalue})$: P-value. Down: genes diferencialmente expressos reprimidos; Not Sig: genes não significativos; Up: genes diferencialmente expressos induzidos.

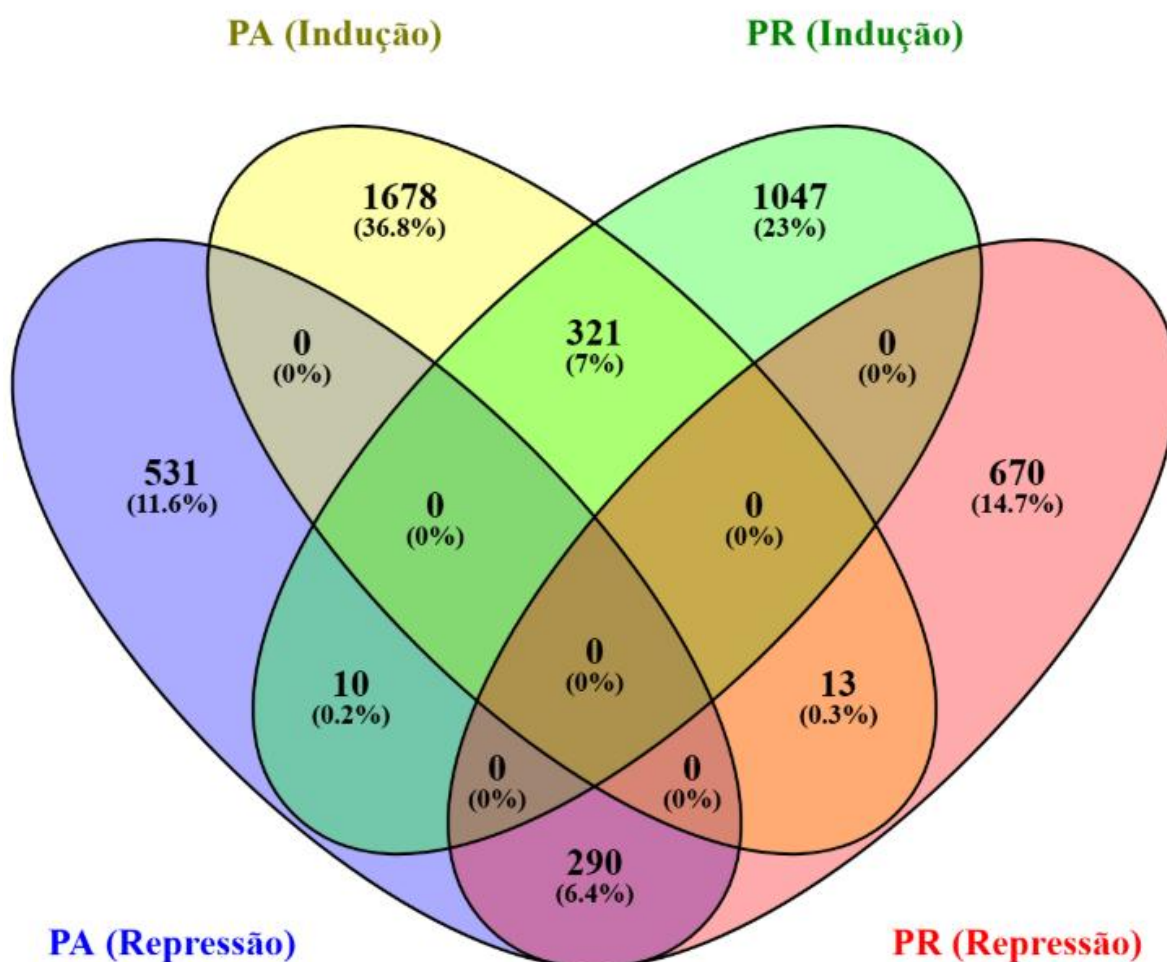


Fonte: O autor (2025).

Aplicando um valor mínimo de $\log_2\text{FC} < -2$ e > 2 , na parte aérea restaram 2012 DEGs induzidos e 831 reprimidos, e na parte radicular permaneceram 1378

DEGs induzidos e 973 reprimidos (figura 12). Dentre os DEGs induzidos 321 são comuns entre a parte aérea e radicular, enquanto dos reprimidos, 290 são comuns entre os tecidos. Apenas dez DEGs (0,2%) que foram reprimidos na porção aérea se mostraram induzidos nos tecidos radiculares. Somente 13 DEGs (0,3%) induzidos na parte aérea são comuns com DEGs reprimidos na raiz. Estudos similares que utilizaram os mesmos parâmetros de filtragem de dados, encontraram distribuições semelhantes entre os DEGs das amostras (Chen et al., 2025; Gong et al., 2022; Xu et al., 2024).

Figura 12 – Diagrama de Venn contendo relações entre genes diferencialmente expressos para genes com aumento e diminuição de expressão. PA (Indução): parte aérea, aumento de expressão; PR (Indução) parte radicular, aumento de expressão; PA (Repressão): parte aérea, diminuição de expressão; PR (Repressão): parte radicular, diminuição de expressão.



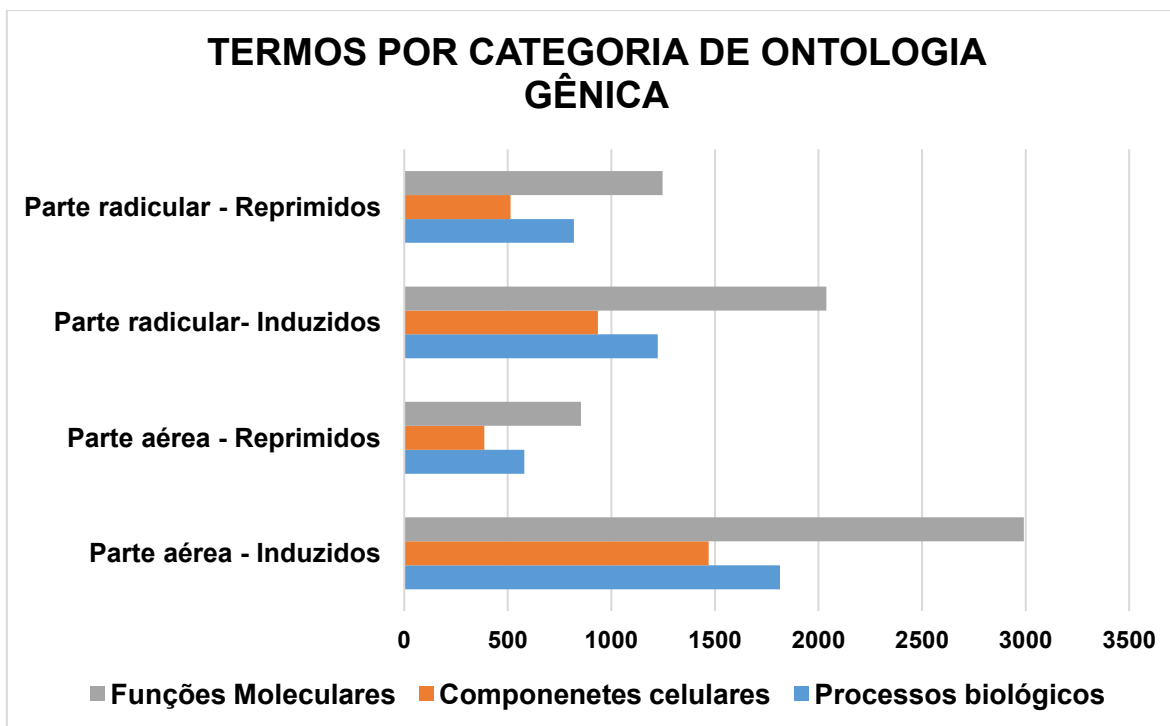
Fonte: O autor (2025).

4.6 Ontologia de genes diferencialmente expressos

A ontologia gênica permitiu a classificação dos DEGs (Adj.p-val < 0.05 e $\log_2FC < -2$ e > 2) em três categorias: processos biológicos, funções moleculares e componentes celulares. Nos DEGs induzidos na parte aérea foram anotados 1814 termos de processos biológicos, 2991 de funções moleculares e 1496 de componentes celulares. Já para os DEGs reprimidos desse tecido foram anotados 415 termos de processos biológicos, 569 de funções moleculares e 260 de componentes celulares. Na parte radicular, os DEGs induzidos totalizaram 1224 termos de processos biológicos, 2038 de funções moleculares e 935 de componentes celulares; enquanto os DEGs reprimidos somaram 819, 1247 e 514 termos nessas categorias, respectivamente (figura 13).

Figura 13 – Gráfico de termos por tecido e categoria de ontologia gênica. Parte radicular-Reprimidos: parte radicular com redução na expressão gênica; Parte radicular-Induzidos: parte radicular com

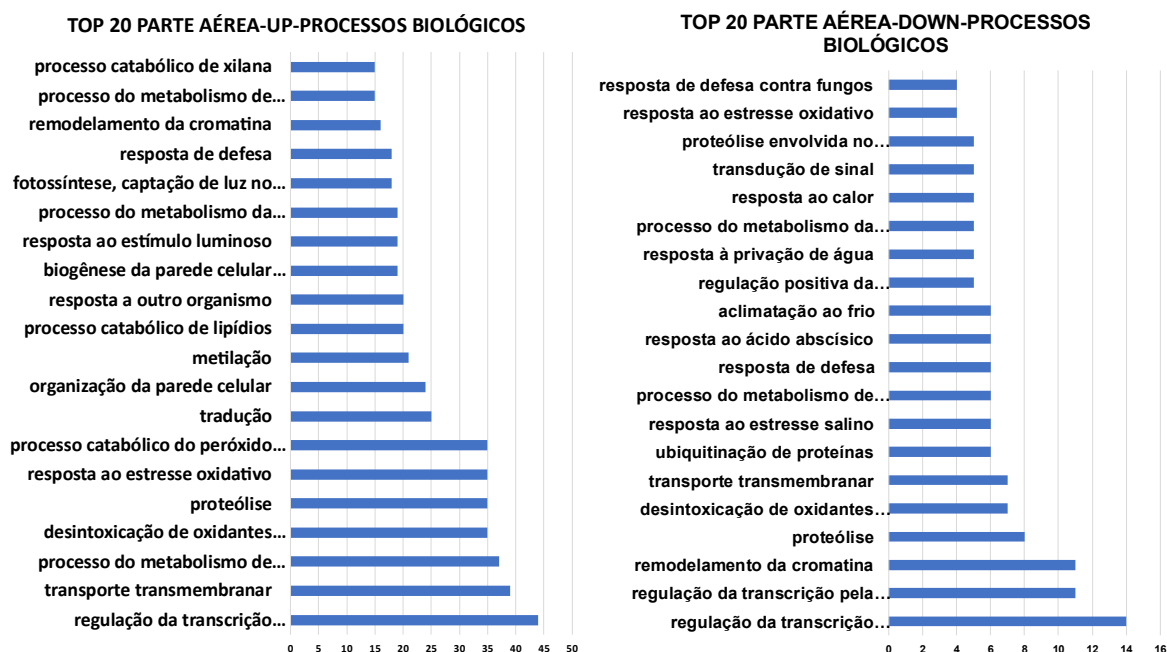
aumento na expressão gênica; Parte aérea-Reprimidos: parte aérea com redução na expressão gênica; Parte aérea-Induzidos: parte aérea com aumento na expressão gênica.



Fonte: O autor (2025).

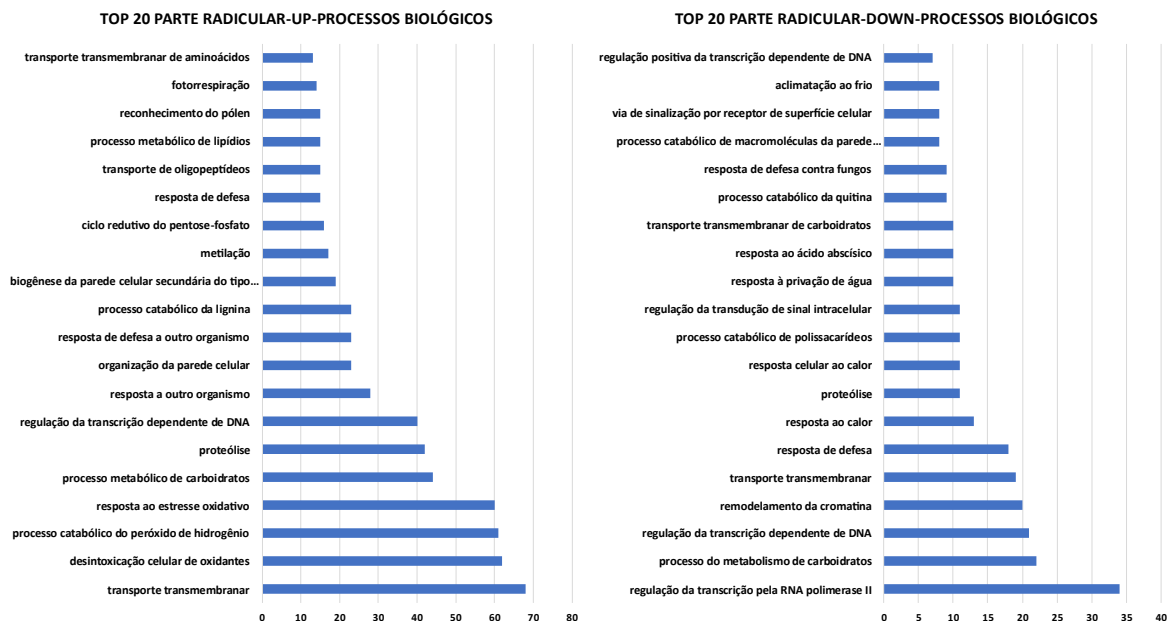
É possível observar que os processos biológicos com DEGs induzidos, tanto em parte aérea quanto radicular foram os de transporte transmembrana, regulação da transcrição dependente de DNA, processo do metabolismo de carboidratos, desintoxicação de oxidantes celulares, proteólise e resposta ao estresse oxidativo. Os processos biológicos com o maior número de DEGs reprimidos foram, regulação da transcrição dependente de DNA, regulação positiva da transcrição dependente de DNA, regulação da transcrição pela RNA polimerase II, remodelamento da cromatina, proteólise, em ambos os tecidos (figuras 14 e 15).

Figura 14 - Vinte processos biológicos mais presentes em DEGs de parte aérea.



Fonte: O autor (2025).

Figura 15 - Vinte processos biológicos mais presentes em DEGs de parte radicular.



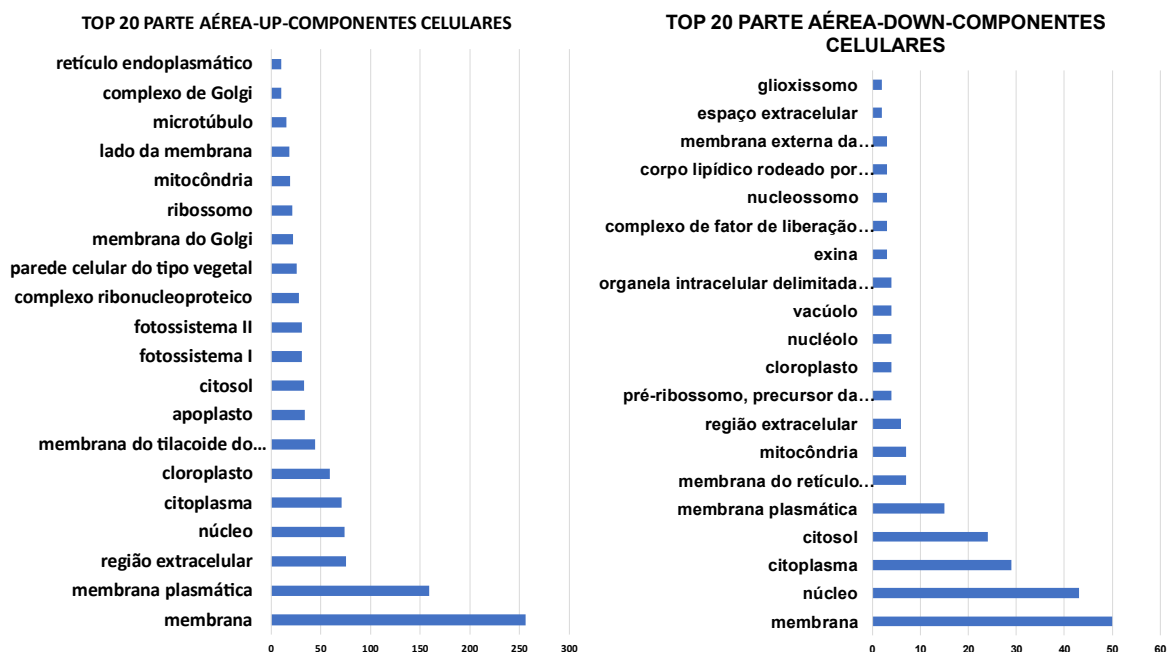
Fonte: O autor (2025).

Dentre os termos de processos biológicos observados para DEGs induzidos ou reprimidos, o transporte de transmembrana se destacou. Estudos mostram, em

plântulas de aveia, que vias de biossíntese de ceras cuticulares e componentes de parede celular são moléculas centrais para adaptação hídrica (Xu et al., 2024). As aquaporinas (AQPs) constituem uma família de pequenas proteínas de membrana que contêm domínios de proteína intrínseca principal (MIP), e funcionam formando poros na membrana plasmática, que controlam a passagem de água e solutos (Singh et al., 2020).

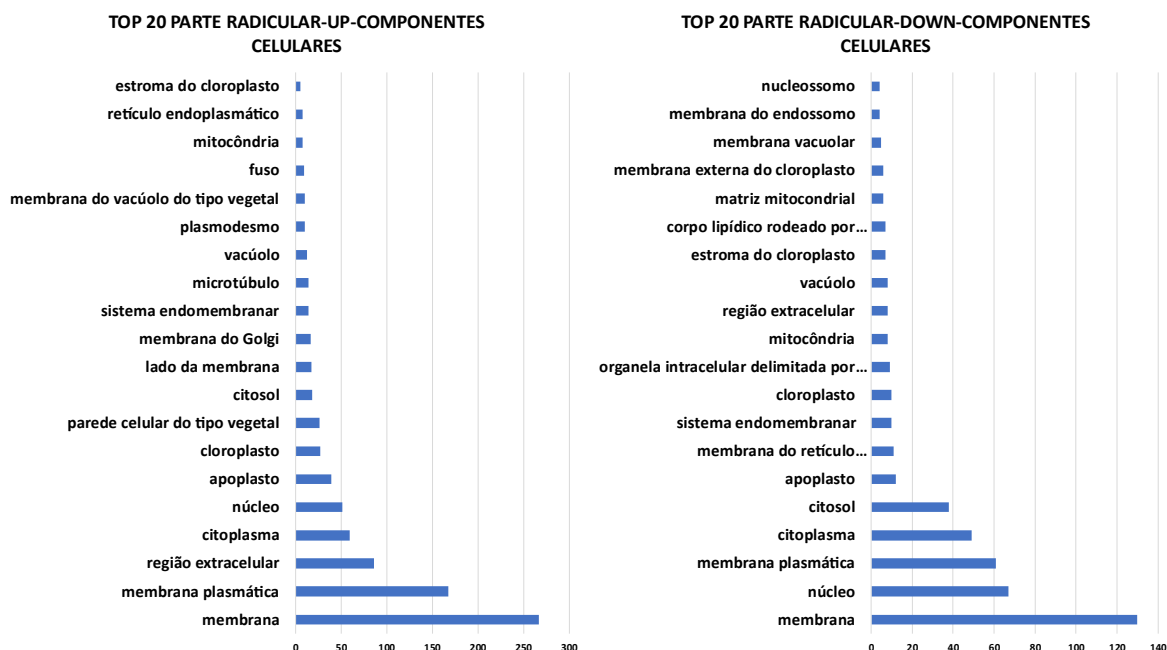
Nas figuras 16 e 17 verifica-se que para ambos os tecidos, as funções moleculares associadas a DEGs com expressão aumentada foram ligação a ATP, ligação a íon metálico, ligação a heme, atividade proteína quinase serina/treonina, ligação a DNA. Entre as funções moleculares com genes de expressão reduzida, destacam-se ligação a ATP, ligação a íon metálico, ligação a íon de ferro, ligação a heme, ligação a íon de zinco.

Figura 16 – Vinte funções moleculares mais presentes em DEGs de parte aérea.



Fonte: O autor (2025).

Figura 17 – Vinte funções moleculares mais presentes em DEGs de parte radicular.



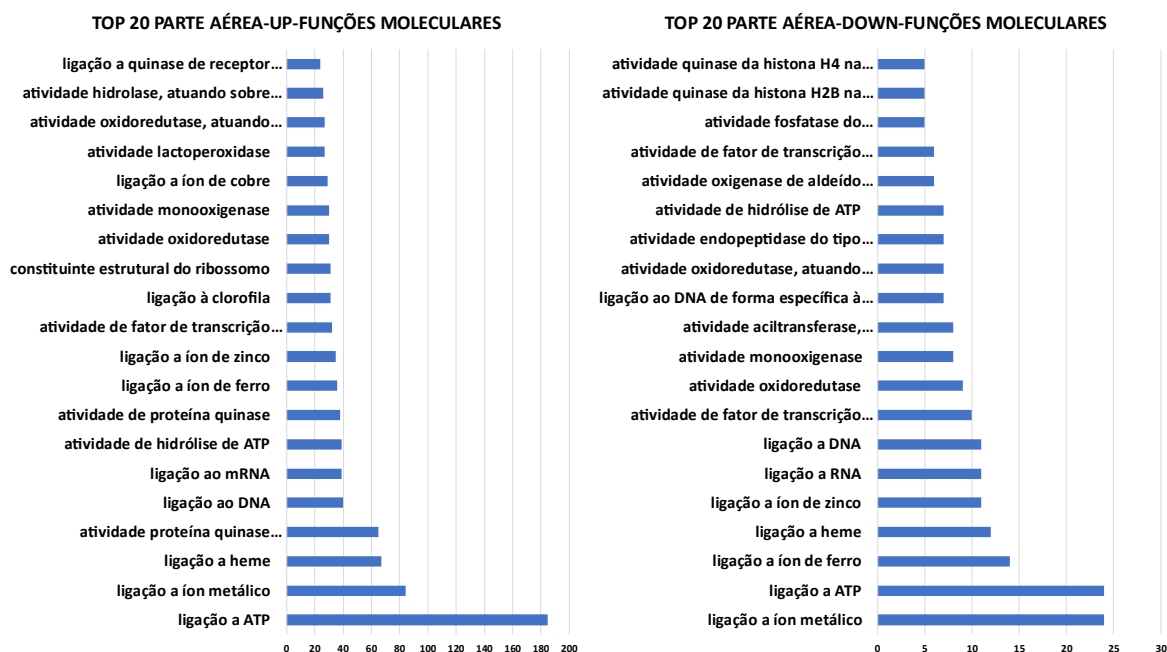
Fonte: O autor (2025).

Foi observado que em *Arabidopsis thaliana*, proteínas da família ABC (Ligação de ATP) quando super expressas, melhoraram significativamente a

tolerância à seca ao promover o fluxo de compostos protetores e a homeostase de íons (Kou et al., 2024a). As quinases do tipo Ser/Thr regulam cascatas de fosforilação em resposta ao ABA e a outros sinais de estresse (Lim et al., 2020). *Metal-binding proteins*, como as metalotioneínas *OsMT2b* em arroz, sequestram íons pesados e modulam a produção de espécies reativas de oxigênio sob estresse hídrico, protegendo componentes celulares (Chen et al., 2024a).

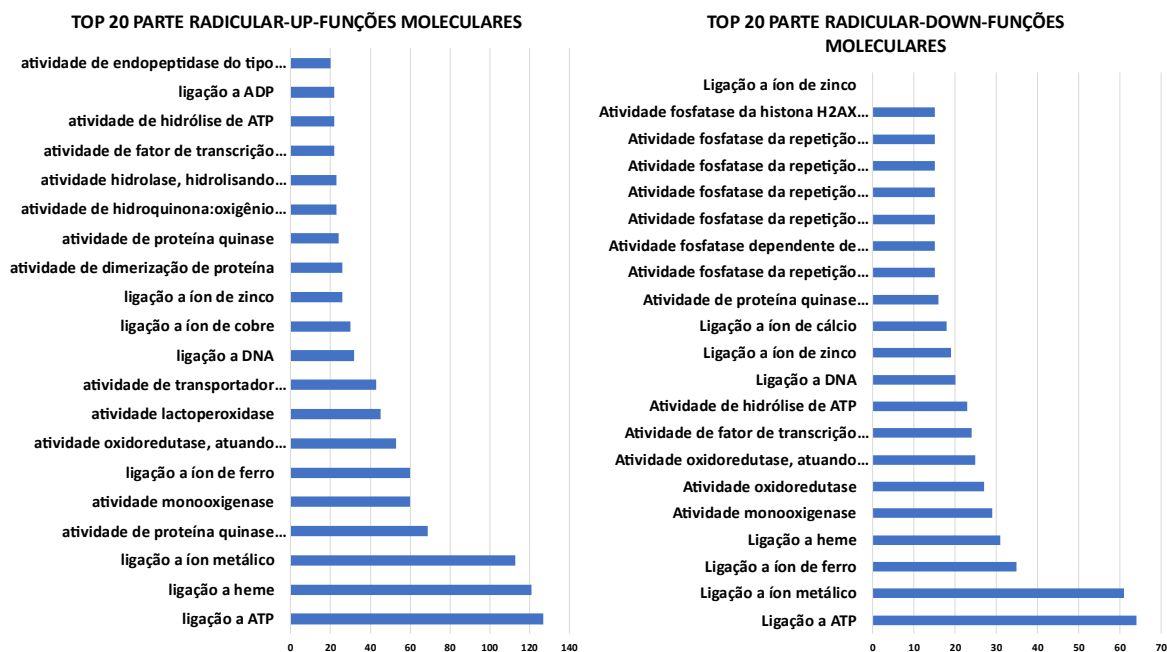
Tanto na parte aérea quanto na raiz observa-se que os componentes celulares mais representativos nos DEGs induzidos são membrana, membrana plasmática, região extracelular, núcleo e citoplasma. Por outro lado, os componentes celulares com DEGs de expressão reduzida incluem membrana, núcleo, membrana plasmática, citoplasma e citosol (figuras 18 e 19).

Figura 18 – Vinte componentes celulares mais presentes DEGs de parte aérea.



Fonte: O nome (2025).

Figura 19 – Vinte componentes celulares mais presentes DEGs de parte radicular.



Fonte: O autor (2025).

Em resposta à seca, a ativação de genes associados à membrana e à membrana plasmática, como o transporte vesicular mediado pela *RabA2b*, reforça

a capacidade de retenção de água e a sinalização de estresse, melhorando a tolerância ao déficit hídrico em *Arabidopsis thaliana* (Ambastha et al., 2021). No apoplasto e na região extracelular, o replanejamento da parede celular via modificação de pectinas aumenta a plasticidade tecidual, ajudando a manter o turgor mesmo em condições de baixa disponibilidade de água (Coutinho et al., 2021). No núcleo ocorre a resposta a seca com ajustes nos componentes do spliceossomo, como a superexpressão de *U1-snRNA*, que otimiza o processamento de pré-mRNAs de genes de defesa e reduz o dano oxidativo (Wang et al., 2024).

Considerando os *Top 20* termos das três categorias da ontologia gênica, para os DEGs induzidos na parte aérea foram identificados 1264 genes, dos quais, 370 foram classificados como proteínas hipotéticas, sem nome ou sem caracterização. Dos genes conhecidos, os que se destacaram foram os codificadores de peroxidases com 27, de citocromo p450 (*CYP*) e fatores de transcrição (WRKY, MYB, bZIP, bHLH) com 21 genes, de esterase/lipases GDSLs com 20, de transportadores ABC (*ATP-Binding Cassete*) com dez.

Já para os DEGs reprimidos da parte aérea, foram 334 genes únicos, dos quais, 108 são proteínas hipotéticas, sem nome ou caracterização. Os genes conhecidos que se destacaram codificam proteínas de repetições de peptatricopeptídicos com 11 genes, citocromo p450 e descarboxilases de aldeído de cadeia longa, ambos com cinco genes.

Nos DEGs induzidos na parte radicular, foram detectados 919 genes, dos quais 259 são referentes a proteínas hipotéticas, sem nome ou sem caracterização. Os demais são codificadores de peroxidases, de citocromo p450, de transportadores de nitrato 1 (NPFs), de fatores de transcrição, de lectinas tipo G S-receptor-serina/treonina-proteína quinase e de permeases de aminoácido (AAT), com 35, 23, 18, 16, 10 e 7 genes, respectivamente.

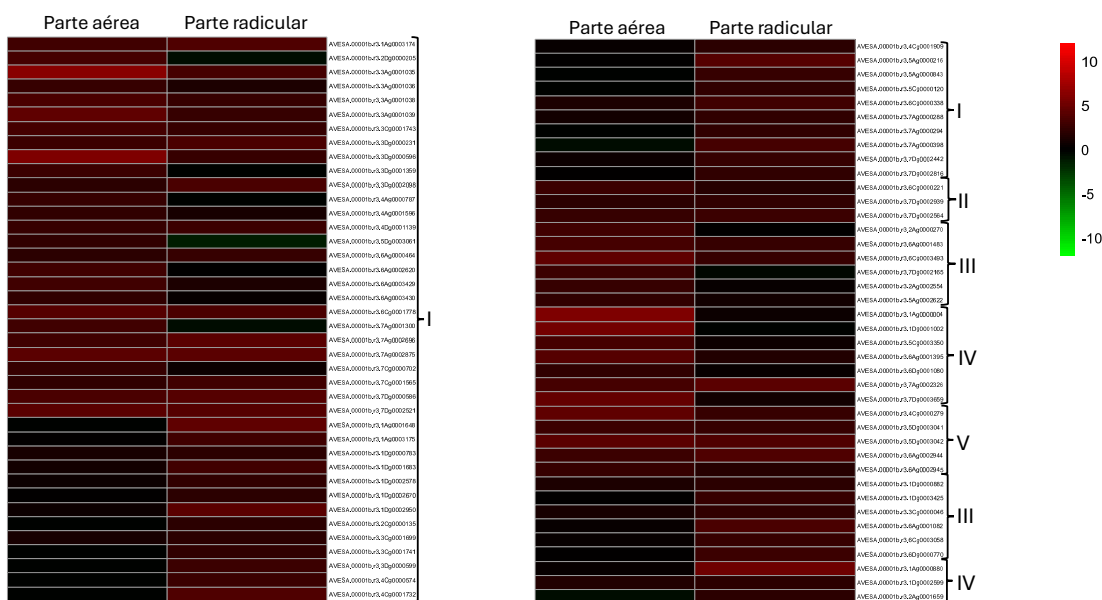
Por fim, para os DEGs reprimidos na parte radicular foram observados 511 genes, sendo 162 deles proteínas hipotéticas, sem nome ou caracterização. Dentre os genes que se destacaram por terem maior presença estão os codificadores de fosfatases 2C (PP2C) com 10 genes, de transportadores de açúcar bidirecionais

SWEET, com 7, de citocromo p450 e de fatores de transcrição de proteínas de estresse ao calor (HSF) com 5 genes cada.

É digno de nota que nos DEGs observados em parte aérea e radicular, induzidos e reprimidos nos *Top 20* termos, em média, 30% (29, 32, 28 e 31% respectivamente) foram proteínas hipotéticas, sem nome ou caracterização. Esse padrão pode indicar que cerca de um terço da expressão relevante aos mecanismos ligados a tolerância a seca permanece desconhecidos em *A. sativa*.

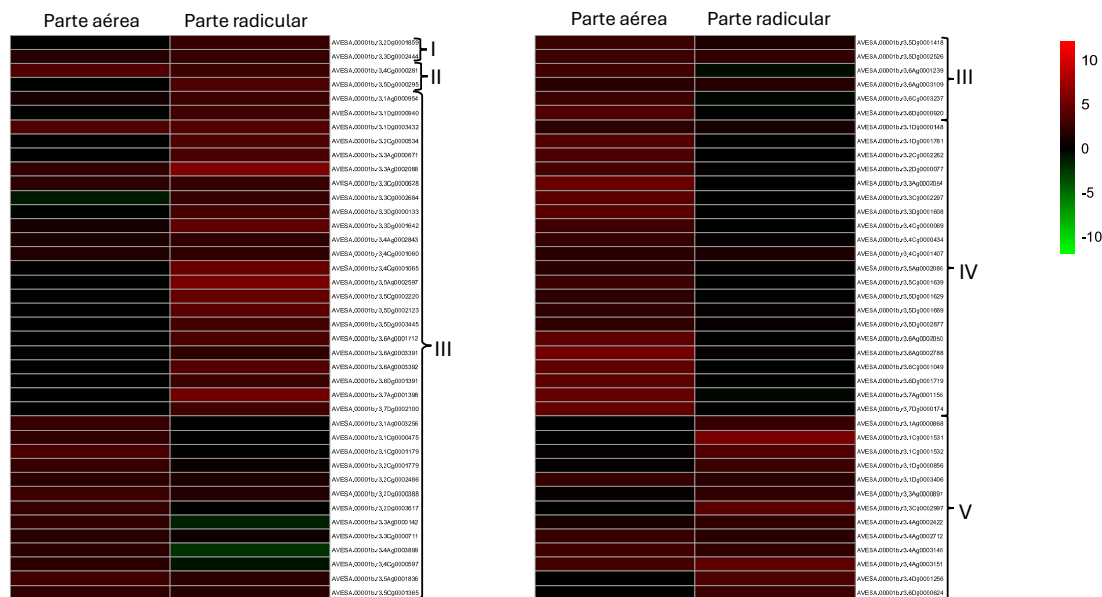
O perfil de expressão dos genes candidatos (com função conhecida) nas partes aérea e radicular está apresentado nas figuras 20 a 22.

Figura 20 – Heat map listando os genes candidatos e suas expressões utilizando valores de Log2FoldChange. I: Peroxidases; II: Fator de transcrição bZIP; III: Fator de transcrição bHLH; IV: Fator de transcrição MYB.



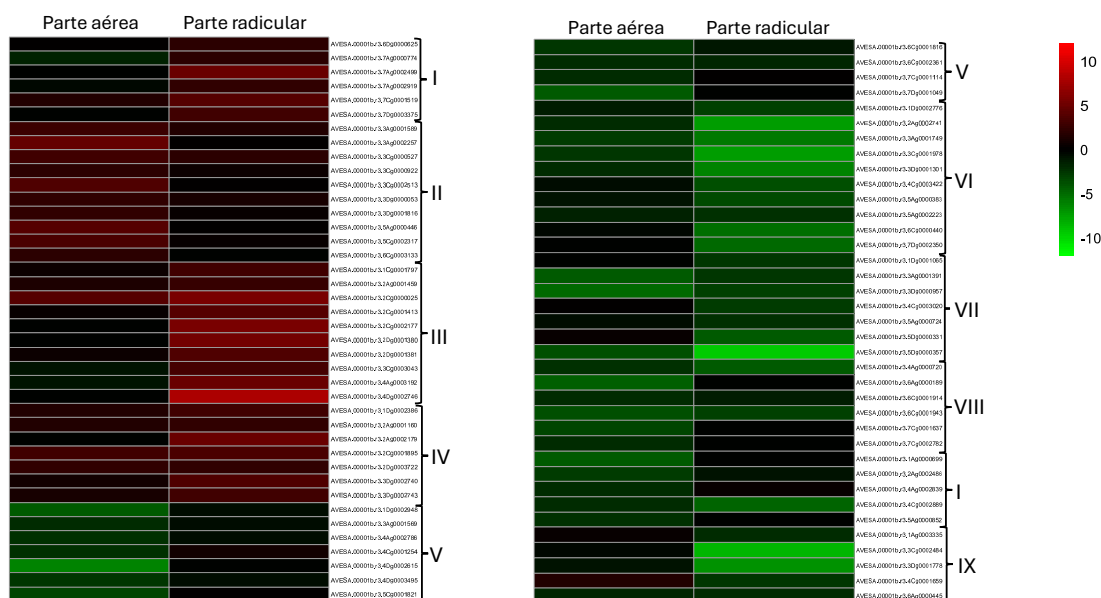
Fonte: O autor (2025).

Figura 21 – Heat map listando os genes candidatos e suas expressões utilizando valores de Log2FoldChange. I: Fator de transcrição MYB; II: Fator de transcrição WRKY; III: Citocromo p450; IV: esterase/lipases GDSLs; V: transportadores de nitrato 1 (NPFs).



Fonte: O autor (2025).

Figura 22 – *Heat map* listando os genes candidatos e suas expressões utilizando valores de Log2FoldChange. I: transportadores de nitrato 1 (NPFs); II: transportadores ABC (ATP-Binding Cassete); III: permeases de aminoácido (AAT); IV: lectinas tipo G S-receptor-serina/treonina-proteína quinase; V: proteínas de repetições de peptatricoepdíddeos; VI: codificadores de fosfatases 2C (PP2C); VII: transportadores de açúcar bidirecionais SWEET; VIII: decarboxilases de aldeído de cadeia longa; IX: fatores de transcrição de proteínas de estresse ao calor (HSF).



Fonte: O autor (2025).

A caracterização funcional da superfamília *CYP* em *A. sativa* sob déficit hídrico ainda carece de mais estudos, mas evidências de transcriptômica apontam para seu papel na biossíntese de metabólitos de defesa. A família do citocromo P450 (*CYP*) constitui um dos maiores conjuntos enzimáticos em plantas, e está envolvida na biossíntese de metabólitos secundários e na defesa contra estresses (Pandian et al., 2020). Foram identificados, em duas variedades de aveia com resposta contrastante para tolerâncias à seca, DEGs enriquecidos na via de fenilpropanoides (KEGG), que inclui vários *CYPs*, sugerindo que essas enzimas participam da produção de flavonoides e lignina para reforço de paredes celulares e quebra de espécies reativas de oxigênio (EROs) durante estresse osmótico (Xu et al., 2024). Diversos genes ligados a *CYP* são regulados pelo estresse osmótico, que ao estar presente, participam direta ou indiretamente na biossíntese de antioxidantes que podem reduzir os danos oxidativos (Wei; Chen, 2018). Estudos apontam que algumas enzimas da família *CYP* em condições de seca, catabolizam

o ABA para ajustar o balanço hormonal sob estresse osmótico em *Arabidopsis thaliana* (Kushiro et al., 2004).

As peroxidases desempenham papel central na tolerância a seca ao regular o balanceamento de EROs e inibindo danos oxidativos. Estudos recentes demonstram que diferentes classes de peroxidases como glutationa peroxidases (GPXs) e peroxidases de classe III (PRXs), assim como ascorbato peroxidases (APXs) atuam de forma coordenada para manter a homeostase redox durante condições osmóticas adversas (Su et al., 2023). Em arroz transgênico, a superexpressão do gene *TaGPX1-D* (um GPX de trigo) aumentou atividade antioxidante (SOD, POD e CAT), e elevou clorofila e prolina, além de reduzir o acúmulo de H₂O₂ sob estresse salino e osmótico, resultando em maior tolerância comparado ao tipo selvagem (Tyagi et al., 2023). De modo similar, Su et al. (2023) mostraram que a superexpressão de *TaPRX-2A*, uma peroxidase de classe III de trigo, promoveu maior redução da concentração de EROs e induziu genes de resposta ao estresse, elevando significativamente a tolerância à seca.

A família GDGL de esterase/lipases (GELPs) em plantas possui funções multifacetadas no crescimento, desenvolvimento e na resposta a estresses abióticos (Duan et al., 2023). Em algodão um gene *GhGDGL26* foi altamente expresso sob estresse osmótico, e sua superexpressão heteróloga em plantas de *Arabidopsis thaliana* resultou em maior taxa de germinação, raízes mais longas, menor extravasamento iônico e menor acúmulo de EROs durante a seca (Liu et al., 2023).

Plantas respondem ao estresse hídrico ajustando osmoticamente suas células (via íons e osmólitos orgânicos), sintetizando ABA para fechar estômatos, controlando a densidade estomática e regulando a homeostase de EROs através de enzimas antioxidantes. Esses mecanismos são controlados por fatores de transcrição nos níveis transcricional e pós-traducional, sendo as famílias WRKY, MYB, bZIP, dentre outras, as relacionadas à resposta a estresse (Chen et al., 2024b).

A família dos fatores de transcrição WRKY tem grande importância na regulação das respostas ao estresse abiótico, ativando genes de defesa e de vias

antioxidantes. Estudos demonstram que em *Arabidopsis thaliana* a superexpressão de *GhWRKY1-like*, originalmente caracterizado em algodão, ativou diretamente genes-chave da biossíntese de ABA (*AtNCED2*, *AtNCED5*, *AtNCED6* e *AtNCED9*), resultando em acúmulo elevado de ABA e maior tolerância ao estresse osmótico (Hu et al., 2021). Em uma revisão aprofundada foram listados 27 fatores de transcrição WRKY diretamente ligados a tolerância a seca, em 23 espécies diferentes, atuando em mecanismos distintos (Khoso et al., 2022).

Os fatores de transcrição MYB também apresentam relevância no contexto da tolerância a seca. Análises genômicas revelaram oito genes *AsMYB* expressos em raízes de *Avena sativa*, sob estresse osmótico (PEG), com dois sendo significativamente induzidos, sugerindo um papel chave na regulação do desenvolvimento radicular e no ajuste osmótico em condições de déficit hídrico (Chen Yang et al., 2024). Interação do gene *AtMYB44* com *ENAP1/2* restringe a proteína HDT4, ligada a desacetilação das histonas, regulando positivamente a resposta à seca em *Arabidopsis*, por meio de mecanismos epigenéticos de controle transcricional neste estresse (Zhao et al., 2022).

Estudos de expressão heteróloga comprovam a capacidade dos fatores de transcrição bZIP em conferir tolerância à seca em diferentes espécies. O *bZIP45* de videira regula positivamente o gene anexina *VvANN1*, reduzindo o acúmulo de EROs e promovendo a retenção de água foliar em *Arabidopsis* submetida a estresse osmótico (Niu et al., 2023). De forma similar, o fator VIP1 de algodão (*GhVIP1*) melhora germinação e vigor radicular, enquanto o *bZIP156* de trigo (*TabZIP156*) e o *SibZIP67* de painço incrementam níveis de prolina, diminuem vazamento iônico e mantêm a fotossíntese durante a seca (Bu et al., 2024; Jia et al., 2024; Zhao et al., 2023).

As proteínas básicas hélice-alça-hélice (bHLH), são uma grande família de fatores de transcrição, estando envolvidas no crescimento e desenvolvimento das plantas e na resposta defensiva a vários estresses ambientais. Em *Arabidopsis*, a expressão ectópica de *MfbHLH38* (*Myrothamnus flabellifolia*) elevou níveis de ABA e promoveu fechamento estomático, aumentando a tolerância à dessecação via indução de genes ligados a biossíntese e resposta ABA (Qiu et al., 2020). Revisões

recentes destacam que alguns genes bHLHs reprimem a catálise de ABA, acumulando-o nos tecidos, enquanto outros como *OsbHLH148* (*Oryza sativa*) modulam vias de jasmonato para ajustes estomáticos e fotossíntese durante déficit hídrico (Guo et al., 2021).

Os transportadores ABC desempenham papel central na tolerância à seca ao mediar o transporte de substâncias hormonais e metabólitos osmoprotetores. Foi demonstrado que alterações na indução de transportadores ABC como *AtABCG36* e *AtPDR12* afetam positivamente a tolerância à seca e salinidade, sugerindo múltiplos papéis desses transportadores na remoção de compostos tóxicos e manutenção do balanço hormonal durante estresse osmótico (Kou et al., 2024b). Os exportadores de auxina *ABCB28* e *ABCB29*, presentes no envelope dos cloroplastos de *A. thaliana*, foram associados à regulação do fechamento estomático e ao aumento da eficiência do uso da água sob condições de seca e salinidade (Tamizhselvan et al., 2023).

Em *A. thaliana*, mutantes de perda de função em proteínas de repetição de peptatrico-peptídeos (PPR) exibem hipersensibilidade a ABA, fechamento estomático mais rápido e menor peroxidação lipídica sob seca, com *prr40-1* mantendo maior retenção hídrica e melhores parâmetros fotossintéticos que a linhagem selvagem (Kant et al., 2024). Em arroz, a proteína *OsPPR674* foi identificada como essencial em mitocôndrias, e plantas mutantes com essa proteína silenciada apresentaram acúmulo de EROs, redução de prolina e sobrevivência quase nula após estresse osmótico simulado por PEG, enquanto plantas com o gene ativo mantêm ~80% de sobrevivência (Li et al., 2025).

Os transportadores de nitrato 1 (NPFs) regulam a homeostase de NO_3^- durante a seca, ajustando a sinalização estomática e a alocação de nutrientes. O efluxo vacuolar de nitrato mediado por *NPF5.10*, *NPF5.14* e *NPF8.5* por exemplo, realoca nitrato para o citosol, melhorando o ajuste osmótico e a turgidez celular sob déficit hídrico (Lu et al., 2022). Evidências de transcriptômica em *Arabidopsis* mostram indução conjunta de múltiplos *NPFs* sob seca, sugerindo que a coordenação entre transporte de NO_3^- e compartimentalização vacuolar é crucial para a resposta osmótica (Kou et al., 2025).

Estudos de expressão em *Arabidopsis thaliana* mostram que as lectinas tipo G S-receptor-serina/treonina-proteína quinase (G-LecRLK) *AtLPK1* são ativadas por sinalização salina e osmótica, promovendo germinação e desenvolvimento inicial por meio da regulação de vias antioxidantes e de fechamento estomático (Gandhi et al., 2023). A análise genômica em *A. sativa* revelou 219 genes do tipo *G-LecRLK*, isoformas, como *AsaLecRLK-G-type-45* e *-68*, que são robustamente induzidas sob estresse salino e déficit hídrico, sugerindo um papel na sinalização de ABA e na modulação da permeabilidade estomática para conter a perda de água (Xiong et al., 2024b).

Os transportes de aminoácidos em células são dependentes de proteínas transportadoras de aminoácidos, que normalmente atuam em membranas, como o caso das permeases de aminoácidos (Wang et al., 2022). Demonstrou-se que a isoforma *AtAAP6* é altamente conservada em dicotiledôneas e expressa de forma ubíqua em *Arabidopsis thaliana* (*AT5G49630*), sugerindo um papel basal na homeostase de aminoácidos que são recrutados sob estresse osmótico (Dutta et al., 2022). Estudos de larga escala também confirmam a relevância dos AAPs em cereais. Em arroz (*Oryza sativa*) uma análise de *microarrays* sob déficit hídrico identificaram que vários AAPs exibem regulação diferencial durante seca e salinidade, pontuando esses transportadores como alvos para engenharia de tolerância osmótica (Zhao et al., 2012).

Além da ação direta no fechamento estomático, a expressão de fosfatases 2c (PP2Cs) é submetida a regulação transcricional fina. Fatores *ABF1–4* ligam-se aos promotores de *ABI1/ABI2*, induzindo sua expressão como mecanismo de feedback negativo para dessensibilizar a sinalização ABA após curto-prazo de estresse (Jung et al., 2020). O módulo *PYR–PP2C–CKL2* evidenciou que, sob seca, a inibição das PP2Cs libera CKL2 para reorganizar actina e manter estômatos fechados, essencial para reduzir a perda de água (Shi et al., 2022). As fosfatases PP2C regulam negativamente a via ABA no estresse hídrico. A superexpressão de *PIA1* reduziu genes ABA-dependentes e antioxidantes, elevando H_2O_2 e diminuindo a sobrevivência à seca, enquanto mutantes com *PIA1* reprimido tiveram taxas de sobrevivência superiores (Huang et al., 2023).

A família SWEET, uma das mais recentes famílias gênicas de transporte de açúcar descobertas, tem diversas funções. O *SWEET11*, localizado na membrana do vacúolo, é induzido logo após o início da seca e regula o equilíbrio de frutose no parênquima do xilema, mantendo a formação de raízes laterais e a turgidez celular, o que é crítico para a adaptação a longo prazo ao estresse osmótico (Valifard et al., 2024). Em *A. thaliana*, a sinalização de ABA ativa SnRK2s que fosforilam *AtSWEET11/12*, aumentando sua oligomerização e capacidade de transporte de sacarose para raízes, resultando em maior razão raiz/parte aérea e tolerância à seca (Chen et al., 2022). Outros estudos reforçam que *SWEET11*, *12*, *16* e *17* em membranas plasmática e vacuolar elevam os níveis de açúcares solúveis, atuando como osmoprotetores e estabilizadores de membrana sob estresse osmótico (Singh et al., 2022c).

Estudos têm evidenciado que os fatores de transcrição do tipo HSF atuam diretamente na regulação de respostas ao déficit hídrico, modulando tanto vias hormonais como sistemas antioxidantes. Em *A thaliana*, o *HSFB1* é induzido por déficit hídrico, mas atua como regulador negativo do crescimento e positivo da tolerância. Mutantes *hsfb1* crescem mais sob condições normais, porém mostram sensibilidade aumentada à seca, enquanto a superexpressão de *HSFB1* resulta em menor crescimento e maior tolerância à seca (Zheng et al., 2025). Em aveia branca, o HSF *AsHSFA2c* equilibra crescimento e tolerância à seca, sendo regulado negativamente pelo TF *AsDOF25*, já *AsHSFA2c* reprime o gene *AsAGO1* e ativa módulos de defesa antioxidante, resultando em maior retenção hídrica sem penalizar o desenvolvimento vegetativo (Liu et al., 2025).

5. CONCLUSÃO

Os genes associados à família *CYP* do citocromo p450 se destacaram em todos os tecidos, tanto sendo induzidos quanto reprimidos, sugerindo que estejam em parte, ligados com a tolerância ao estresse osmótico apresentado pela cultivar URS Altiya, porém mais estudos precisam ser realizados para testar essa hipótese. Outros genes candidatos são os codificadores da peroxidase, fatores de transcrição bZIP, bHLH, MYB e WRKY, e transportadores ABC, os quais tiveram um grande número de genes diferencialmente expressos, e sabe-se que desempenham um papel fundamental na tolerância a seca.

Em trabalhos futuros, podem ser exploradas a relevância dos genes descritos, utilizando técnicas como PCR em tempo real (qPCR) para a confirmação de suas expressões enquanto na condição de estresse. Em adição, o silenciamento ou superexpressão desses genes podem ajudar a elucidar seus papéis ante ao estresse osmótico, tornando-os potenciais genes alvo para programas de melhoramento focados em tolerância a seca.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ADHIKARI, Laxman; BARAL, Rudra; PAUDEL, Dev; MIN, Doohong; MAKAJU, Shiva O.; POUDEL, Hari P.; ACHARYA, Janam P.; MISSAOUI, Ali M. Cold stress in plants: strategies to improve cold tolerance in forage species. *Translational Animal Science*, v. 2, n. 2, 2022. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2667064X22000264>. Acesso em: 5 ago. 2025.

ASHBURNER, Michael; BALL, Christine A.; BLAKE, Judith A.; BOTSTEIN, David; BUTLER, Helen; CHERRY, James M.; DAVIS, Alan P.; DOLINSKI, Katrin; DWIGHT, Stephen S.; EPPIG, Judith T.; HARRIS, Michael A.; HILL, David P.; ISSEL-TARVER, Lisa; KASARSKIS, Anton; LEWIS, Suzanna E.; MATESE, James C.; RICHARDSON, Jennifer E.; RINGWALD, Michael; RUBIN, Gerald M.; SHERLOCK, Gavin. Gene ontology: tool for the unification of biology. *Nature Genetics*, New York, v. 25, n. 1, p. 25–29, maio 2000. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/75556>. Acesso em: 20 jun. 2025.

AFZAL, Muhammad; HINDAWI, Salah El Sayed; ALGHAMDI, Salem Safer; MIGDADI, Hussein H.; KHAN, Muhammad Altaf; HASNAIN, Muhammad Usama; ARSLAN, Muhammad; RAHMAN, Muhammad Habib ur; SOHAIB, Muhammad. Potential Breeding Strategies for Improving Salt Tolerance in Crop Plants. *Journal of Plant Growth Regulation*, [S. l.], v. 42, n. 6, p. 3365–3387, jun. 2023. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00344-022-10797-w>. Acesso em: 09 fev. 2025.

AHARONI, Ahaproni; VORST, Oscar. DNA microarrays for functional plant genomics. In: TOWN, C. (Ed.). *Functional Genomics*. Dordrecht: Springer, 2001, p. 99-118. Disponível em: https://doi.org/10.1007/978-94-010-0448-0_7. Acesso em: 28 fev. 2025.

AHMAD, Muzafar (2023) Plant breeding advancements with “CRISPR-Cas” genome editing technologies will assist future food security. *Frontiers in Plant Science*, v. 14. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/plant-science/articles/10.3389/fpls.2023.1133036>. Acesso em: 6 fev. 2025.

AMBASHTA, Vipin; MATITYAHU, Iftach; TIDHAR, Dan; LESHEM, Yael. *RabA2b Overexpression Alters the Plasma-Membrane Proteome and Improves Drought Tolerance in Arabidopsis*. **Frontiers in Plant Science**, v. 12, p. 738694, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.738694>. Acesso em: 03 jul. 2025.

ANDERS, Simon; MCCARTHY, Davis J; CHEN, Yushun; OKONIEWSKI, Michael; SMYTH, Gordon K; HUBER, Wolfgang; ROBINSON, Mark D. Count-based differential expression analysis of RNA sequencing data using R and Bioconductor. *Nat Protoc* **8**, 1765–1786 (2013). <https://doi.org/10.1038/nprot.2013.099>. Acesso em: 15 abr. 2025.

ANDERS, Simon; PYL, Paul Theodor; HUBER, Wolfgang. HTSeq—a Python framework to work with high-throughput sequencing data. *Bioinformatics* (Oxford, England), v. 31, n. 2, p. 166–169, 2015. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu638>. Acesso em: 31 mar. 2025.

ANDREWS, Simon. *FASTQC: A quality control tool for high throughput sequence data*. 2005. Disponível em: <https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/>. Acesso em: 31 mar. 2025.

AGARWAL, Pradeep K; AGARWAL, Parinita; REDDY, M. K.; SOPORY, Sudhir K. ***Role of DREB transcription factors in abiotic and biotic stress tolerance in plants***. *Plant Cell Reports*, v. 25, p. 1263–1274, 2006. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s00299-006-0204-8>. Acesso em: 23 mar. 2025.

BALASUBRAMANIAM, Thirukumaran; SHEN, Guoqiang; ESMAEILI, Niloofar; ZHANG, Huan. Plants' response mechanisms to salinity stress. *Plants*, v. 12, p. 2253, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/plants12122253>. Acesso em: 5 ago. 2025.

BARTLETT, Maurice Stevenson. The square root transformation in analysis of variance.1 Supplement to the Journal of the Royal Statistical Society. Series B (Statistical Methodology), Oxford, v. 3, n. 1, p. 68–78, jan. 1936. Disponível em: <https://doi.org/10.2307/2983678>. Acesso em: 13 mar. 2025.

BARTLETT, Maurice Stevenson. Properties of Sufficiency and Statistical Tests. Proceedings of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences, v. 160, n. 901, p. 268–282, 1937. Disponível em: <https://doi.org/10.1098/rspa.1937.0109>. Acesso em: 6 fev. 2025.

BAZZER, Sumandeep Kaur; OLIVEIRA, Guilherme; FIEDLER, Jason D.; NAUDET, Raja SeKhar; JANNINK, Jean-Luc; CAFFE, Melanie. *Genomic strategies to facilitate breeding for increased β -Glucan content in oat (Avena sativa L.)*. **BMC Genomics**, v. 26, p. 35, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s12864-024-11174-5>. Acesso em: 1 mar. 2025.

BESEMER, John; LOMSADZE, Alexandre; BORODOVSKY, Mark. *GeneMarkS: A self-training method for prediction of gene starts in microbial genomes. Implications for finding sequence motifs in regulatory regions*. *Nucleic Acids Research*, v. 29, p. 2607–2618, 2001. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/nar/29.12.2607>. Acesso em: 1 abr 2025.

BIOBAM. *OmicsBox – Bioinformatics Made Easy* [Software]. Granada: BioBam, 2019. Disponível em: <https://www.biobam.com/omicsbox/>. Acesso em: 25 jun. 2025.

BOCZKOWSKA, Maja; PODYMA, Wiesław; ŁAPIŃSKI, Bogusław. *Oat. In: Genetic and Genomic Resources for Grain Cereals Improvement*. [S.l.]: [Editora], 2016. p. 159–225. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/b978-0-12-802000-5.00004-6>. Acesso em: 27 mar 2025.

BOLGER, Anthony M.; LOHSE, Marc; USADEL, Bjoern. *Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data*. *Bioinformatics*, v. 30, n. 15, p. 2114–2120, 2014. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu170>. Acesso em: 31 mar 2025.

BU, Yaning; YU, Yang; SONG, Tianqi; ZHANG, Dingguo; SHI, Caiyin; ZHANG, Shuangxing; ZHANG, Weijun; CHEN, Dongsheng; XIANG, Jishan; ZHANG, Xiaoke. The transcription factor TabZIP156 acts as a positive regulator in response to drought tolerance in Arabidopsis and wheat (*Triticum aestivum* L.). *Plant Physiology and Biochemistry*, v. 216, p. 109086, 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2024.109086>. Acesso em: 16 de julho de 2025.

BUCHFINK, Benjamin; REUTER, Katja; DROST, Hein G. Fast and sensitive protein alignment using DIAMOND. *Nature Methods*, [S. l.], v. 12, n. 1, p. 59–60, jan. 2015. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/nmeth.3176>. Acesso em: 03 jul. 2025.

CAO, Xinang; ZHANG, Yueying; DING, Yiliang; WAN, Yue. *Identification of RNA structures and their roles in RNA functions*. ***Nature Reviews Molecular Cell Biology***, v. 25, p. 784–801, 2024a. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41580-024-00748-6>. Acesso em: 6 fev. 2025.

CAO, Yanan; YANG, Wei; MA, Jian; CHENG, Zhi; ZHANG, Xiaoyan; LIU, Xinyue; WU, Xiaoqing; ZHANG, Jing. An integrated framework for drought stress in plants. *International Journal of Molecular Sciences*, v. 25, p. 9347, 2024c. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/ijms25179347>. Acesso em: 5 ago. 2025.

CAO, Yanyong; YANG, Wenbo; MA, Juan; CHENG, Zeqiang; ZHANG, Xuan; LIU, Xueman; WU, Xiaolin; ZHANG, Jinghua. *An integrated framework for drought stress in plants. International Journal of Molecular Sciences*, v. 25, p. 9347, 2024b. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/ijms25179347>. Acesso em: 10 jan. 2025.

CHEN, Chao; BAO, Mingzhu; ZENG, Yuxin; WANG, Xiaoyang; LIU, Wei. Proteomic analysis of oat (*Avena sativa* L.) under drought stress using tandem mass tag labeling. *PLoS ONE*, [S. l.], v. 20, n. 4, p. e0322022, 29 abr. 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0322022>. Acesso em: 03 jul. 2025.

CHEN, Kai; LI, Guangjin; BRESSAN, Ray A.; SONG, Chen; ZHU, Jian-Kang; ZHAO, Yunde. Absciscic acid dynamics, signaling and functions in plants. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/jipb.12899>. Acesso em: 23 mar. 2025.

CHEN, Ning; XING, Shujie; SONG, Jie; LU, Shujuan; LING, Li; QU, Lijuan. Transcriptome reveals the differential regulation of sugar metabolism to saline–alkali stress in different resistant oats. *Genes*, [S. l.], v. 16, p. 105, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/genes16010105>. Acesso em: 04 jul. 2025.

CHEN, Qian; HU, Ting; LI, Xiaoyu; SONG, Chun-Peng; ZHU, Jian-Kang; CHEN, Le; ZHAO, Yang. Phosphorylation of SWEET sucrose transporters regulates plant root:shoot ratio under drought. *Nat Plants*, v. 8, n. 1, p. 68-77, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41477-021-01040-7>. Acesso em: 16 de julho de 2025.

CHEN, Yang; LI, Aixue; YUN, Ping; CHEN, Quan; PAN, Dayu; ZHANG, Qingguo; GAO, Quan; SHABALA, Lana; SHABALA, Sergey; LUO, Bin; HOU, Peichen. Genome-wide analysis of MYB transcription factor family and AsMYB1R subfamily contribution to ROS homeostasis regulation in *Avena sativa* under PEG-induced drought stress. *BMC Plant Biology*, v. 24, n. 1, p. 632, 2024b. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s12870-024-05251-w>. Acesso em: 15 jul. 2025.

CHEN, Yufeng; HE, Yajuan; PAN, Yifei; WEN, Yichen; ZHU, Lin; GAO, Jian; CHEN, Wei; JIANG, Dayong. Involvement of the Metallothionein gene OsMT2b in Drought and Cadmium Ions Stress in Rice. *Rice (New York)*, v. 17, n. 1, p. 63, 2024a. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s12284-024-00740-w>. Acesso em: 03 jul. 2025.

CLEMENS, Roland; VAN KLINKEN, Bernard J. Oats, more than just a whole grain: an introduction. *British Journal of Nutrition*, v. 112, supl. 2, p. S1–S3, 2014. Disponível em: <https://doi.org/10.1017/S0007114514002712>. Acesso em: 10 jan. 2025.

COELHO, Alexandre P.; FARIA, Ricardo T. de; LEAL, Flávia T.; BARBOSA, José de A.; LEMOS, Luciana B. Biomass and nitrogen accumulation in white oat (*Avena sativa* L.) under water deficit. *Revista Ceres*, v. 67, n. 1, p. 1–8, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/0034-737X202067010001>. Acesso em: 12 jan. 2025.

CONESA, Ana; GÖTZ, Stefan. Blast2GO: a comprehensive suite for functional analysis in plant genomics. *International Journal of Plant Genomics*, v. 2008, p. 1–12, 2008. Disponível em: <https://doi.org/10.1155/2008/619832>. Acesso em: 1 abr. 2025.

CONESA, Ana; MADRIGAL, Pablo; TARAZONA, Salvador; DÍEZ-VILLANUEVA, Alberto; GÓMEZ-COBA, Alberto; GARCÍA-FERNÁNDEZ, Ana; et al. A survey of best practices for RNA-seq data analysis. *Genome Biology*, v. 17, p. 13, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s13059-016-0881-8>. Acesso em: 1 abr. 2025.

COUTINHO, Filipe Santos; RODRIGUES, Julliana Moura; LIMA, Luiz Lima; MESQUITA, Rafael Oliveira; CARPINETTI, Paula Andrea; MACHADO, Juliana Pereira Bento; VITAL, Cláudia Etelvina; VIDIGAL, Pedro Marques; RAMOS, Maria Eugênia da Silva; MAXIMIANO, Mariana Rodrigues; MEHTA, Ankush; OLIVEIRA,

Maria Geralda de Andrade; FONTES, Elizabeth Pacheco Batista; de OLIVEIRA RAMOS, H. J. Remodeling of the cell wall as a drought-tolerance mechanism of a soybean genotype revealed by global gene expression analysis. *aBIOTECH*, v. 2, n. 1, p. 14-31, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s42994-021-00043-4>. Acesso em: 04 jul. 2025.

DESHPANDE, Divya; CHHUGANI, Khushbu; CHANG, Yicheng; KARLSBERG, Amnon; LOEFFLER, Christoph; ZHANG, Jian; MUSZYŃSKA, Agnieszka; MUNTEANU, Victor; YANG, Hong; ROTMAN, Jonathan; TAO, Li; BALLIU, Ben; TSENG, Eric; ESKIN, Eleazar; ZHAO, Fang; MOHAMMADI, Peyman; ŁABAJ, Paweł; MANGUL, Serghei. RNA-seq data science: From raw data to effective interpretation. *Frontiers in Genetics*, v. 14, p. 997383, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fgene.2023.997383>. Acesso em: 1 abr. 2025.

DOBIN, Alexander; DAVIS, Carrie A.; SCHLESINGER, Felix; DRENKOW, Jason; ZALESKI, Christina; JHA, Sonali; BATUT, Philippe; CHAISSON, Miles; GINGERAS, Thomas R. STAR: ultrafast universal RNA-seq aligner. *Bioinformatics* (Oxford, England), v. 29, n. 1, p. 15–21, 2013. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts635>. Acesso em: 31 mar. 2025.

DOBREVA, Tsvetalina. Study of drought tolerance of winter oat varieties. *Agricultural Science*, v. 39, p. 35–40, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.22620/agrisci.2023.39.004>. Acesso em: 10 mar. 2025.

DOROFEYEV, V. F. Origin and Geography of Cultivated Plants. In: DOROFEYEV, V. F. (Ed.). *Origin and Geography of Cultivated Plants*. Cambridge: Cambridge University Press, 1992. p. 22–135. Acesso em: 10 mar. 2025.

DUAN, Lin; WANG, Fei; SHEN, Hao; XIE, Sheng; CHEN, Xin; XIE, Qiang; LI, Rui; CAO, An; LI, Hua. Identification, evolution, and expression of GDGL-type Esterase/Lipase (GELP) gene family in three cotton species: a bioinformatic

analysis. *BMC Genomics*, v.24, n.1, p.795, 21 dez. 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s12864-023-09717-3>. Acesso em: 03 jul. 2025.

DUTTA, Tushar K.; RUPINIKRISHNA, Katakam; AKHIL, Voodikala S.; VASHISTH, Neeraj; PHANI, Victor; PANKAJ; SIROHI, Anil; CHINNUSAMY, Viswanathan. CRISPR/Cas9-induced knockout of an amino acid permease gene (AAP6) reduced *Arabidopsis thaliana* susceptibility to *Meloidogyne incognita*. *BMC Plant Biol*, v. 24, p. 515, 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s12870-024-05175-5>. Acesso em: 16 de julho de 2025.

EJIGU, Gideon F.; JUNG, Jungmin. Review on the Computational Genome Annotation of Sequences Obtained by Next-Generation Sequencing. *Biology*, v. 9, p. 295, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/biology9090295>. Acesso em: 1 abr. 2025.

EMBRAPA. **Aveia: cultivo e utilização no Brasil**. 2020. Disponível em: <https://www.embrapa.br>. Acesso em: 15 jan. 2025. Acesso em: 10 jan. 2025.

FAN, Kun; SZE, Chi-Ching; LI, Man-Wah; LAM, Hon-Ming. Roles of non-coding RNAs in the hormonal and nutritional regulation in nodulation and nitrogen fixation. *Frontiers in Plant Science*, v.13, p.997037, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.997037>. Acesso em: 30 mar. 2025.

FAROOQ, Muhammad; HUSSAIN, Muhammad; WAHID, Abdul; SIDDIQUE, Khalid H. M. Drought stress in plants: an overview. In: AROCA, Ricardo (org.). *Plant responses to drought stress*, p. 1–33, 2012. Disponível em: https://doi.org/10.1007/978-3-642-32653-0_1. Acesso em: 28 fev. 2025.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS (FAO). **Water scarcity**. 2025. Disponível em: <https://www.fao.org/land-water/water/water-scarcity/en/>. Acesso em: 28 fev. 2025.

FU, Xin; BAI, Meng; XU, Yi; WANG, Tao; HUI, Zheng and HU, Xiaobo (2023) Cultivars identification of oat (*Avena sativa* L.) seed via multispectral imaging analysis. *Front. Plant Sci.* 14:1113535. doi: 10.3389/fpls.2023.1113535. Acesso em: 15 jan. 2025.

GAAFAR, Abdel Rahman Zeid; AL-QURAINY, Faisal; ALSHAMERI, Abubakr; KHAN, Shafiqul; NADEEM, Muhammad; TARROUM, Mohamed; ARRAK ALENEZI, Naif. High RNA quality extracted from the tolerant crop *Cyamopsis tetragonoloba* (L.) despite possession of low RNA integrity number. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, v. 35, n. 1, p. 608–618, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1080/13102818.2021.1910567>. Acesso em: 17 mar. 2025.

GANDHI, Ankit; OELMÜLLER, Rüdiger. Emerging Roles of Receptor-like Protein Kinases in Plant Response to Abiotic Stresses. *Int. J. Mol. Sci.*, v. 24, p. 14762, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/ijms241914762>. Acesso em: 16 de julho de 2025.

GHIMIRE, Krishna; McINTYRE, Ian; CAFFE, Medard. Evaluation of morpho-physiological traits of oat (*Avena sativa* L.) under drought stress. *Agriculture*, v. 14, p. 109, 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/agriculture14010109>. Acesso em: 15 jan. 2025.

GONG, Wei; JU, Zhanjie; CHAI, Jing; ZHOU, Xiaoyan; LIN, Dongmei; SU, Wenjing and ZHAO, Guochun (2022) Physiological and transcription analyses reveal the regulatory mechanism in oat (*Avena sativa*) seedlings with different drought resistance under PEG-induced drought stress. *Agronomy*, v. 12, p. 1005. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/agronomy12051005>. Acesso em: 28 fev. 2025.

GOTZ, Stefan; GARCIA-GOMEZ, José Manuel; TEROL, Joaquín; WILLIAMS, Timothy D.; NAGARAJ, S. H.; NUEDA, María J.; ROBLES, Miguel; TALÓN, Miguel;

DOPAZO, José; CONESA, Ana. High-throughput functional annotation and data mining with the Blast2GO suite. *Nucleic Acids Research*, [S. l.], v. 36, n. 10, p. 3420–3435, 2008. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/nar/gkn176>. Acesso em: 03 jul. 2025.

GUO, Jing; SUN, Bo; HE, Hao; ZHANG, Yan; TIAN, Hong; WANG, Baocheng. Current Understanding of bHLH Transcription Factors in Plant Abiotic Stress Tolerance. *Int. J. Mol. Sci.*, v. 22, p. 4921, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/ijms22094921>. Acesso em: 17 de julho de 2025.

GUO, Wenbin; SCHREIBER, Michael; MAROSI, Viktoria B.; et al. (2025) A barley pan-transcriptome reveals layers of genotype-dependent transcriptional complexity. *Nature Genetics*, v. 57, p. 441–450. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41588-024-02069-y>. Acesso em: 28 fev. 2025.

GUPTA, Dharmendra K.; PALMA, José M. and CORPAS, Francisco J. (2018) *Antioxidants and Antioxidant Enzymes in Higher Plants*. Springer, 2018. ISBN 978-3-319-75087-3. Acesso em: 28 fev. 2025.

HASELTINE, William A.; HAZEL, Kristen and PATARCA, Roberto (2025) RNA structure: past, future, and gene therapy applications. *International Journal of Molecular Sciences*, v. 26, p. 110. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/ijms26010110>. Acesso em: 28 fev. 2025.

HE, Qin; LI, Wei; MIAO, Yuan; et al. (2024) The near-complete genome assembly of hexaploid wild oat reveals its genome evolution and divergence with cultivated oats. *Nature Plants*, v. 10, p. 2062–2078. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41477-024-01866-x>. Acesso em: 28 fev. 2025.

HERMANS, Kathleen; McLEMAN, Robert. Climate change, drought, land degradation and migration: exploring the linkages. **Current Opinion in**

Environmental Sustainability, v. 50, p. 236-244, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.cosust.2021.04.013>. Acesso em: 28 fev. 2025.

HU, Qian; AO, Cong; WANG, Xin; CHEN, Chun; LIU, Jing; HUANG, Peng; LI, Jian; LI, Jiahe; LI, Zhigang; WANG, Hua. *GhWRKY1-like*, a WRKY transcription factor, mediates drought tolerance in *Arabidopsis* via modulating ABA biosynthesis. *BMC Plant Biology*, v. 21, p. 458, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s12870-021-03238-5>. Acesso em: 03 jul. 2025.

HUANG, He; WANG, Xiaochen; LI, Jing; GAO, Yan; YANG, Yuan; WANG, Ruixue; ZHOU, Zhengguang; WANG, Peng and ZHANG, Yue (2024a) Trends and directions in oats research under drought and salt stresses: a bibliometric analysis (1993–2023). *Plants*, v. 13, p. 1902. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/plants13141902>. Acesso em: 9 dez. 2024.

HUANG, He; YANG, Yuan; LI, Jing; GAO, Yan; WANG, Xiaochen; WANG, Ruixue; ZHOU, Zhengguang; WANG, Peng and ZHAO, Lei (2024b) Effects of rocky desertification stress on oat (*Avena sativa* L.) seed germination and seedling growth in the Karst areas of Southwest China. *Plants*, v. 13, p. 3260. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/plants13223260>. Acesso em: 28 fev. 2025.

HUANG, Yan; YANG, Rongqian; LUO, Huiling; YUAN, Yuan; DIAO, Zhihong; LI, Junhao; GONG, Shihe; YU, Guozhi; YAO, Huipeng; ZHANG, Huaiyu; CAI, Yi. Arabidopsis Protein Phosphatase PIA1 Impairs Plant Drought Tolerance by Serving as a Common Negative Regulator in ABA Signaling Pathway. *Plants*, v. 12, p. 2716, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/plants12142716>. Acesso em: 16 de julho de 2025.

HUANG, Xin; HUANG, Shuang; HAN, Bin and LI, Jun (2022) The integrated genomics of crop domestication and breeding. *Cell*, v. 185, n. 15, p. 2828-2839, 21

jul. 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2022.04.036>. Acesso em: 28 fev. 2025.

HUSSAIN, Qasim; ASIM, Muhammad; ZHANG, Rui; KHAN, Rizwan; FAROOQ, Sadam and WU, Jun (2021) Transcription Factors Interact with ABA through Gene Expression and Signaling Pathways to Mitigate Drought and Salinity Stress. *Biomolecules*, v. 11, n. 8, p. 1159. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/biom11081159>. Acesso em: 23 mar. 2025.

IHSAN, Muhammad; NAZIR, Naseer; GHAFOR, Abdul; KHALIL, Allah A. K.; ZAHOR, Muhammad; NISAR, Muhammad; KHAMES, Awais; ULLAH, Rahmat and SHAH, Amjad B. (2021) Genetic Diversity in Local and Exotic *Avena sativa* L. (Oat) Germplasm Using Multivariate Analysis. *Agronomy*, v. 11, p. 1713. <https://doi.org/10.3390/agronomy11091713>. Acesso em: 15 jan. 2025.

IZADI-DARBANDI, Ali; ALAMELDIN, Hussien; NAMJOO, Nima and AHMAD, Khalil (2023) Introducing sorghum *DREB2* gene in maize (*Zea mays* L.) to improve drought and salinity tolerance. *Biotechnology and Applied Biochemistry*, [S. l.], v. 70, n. 4, p. 1480-1488, ago. 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.1002/bab.2458>. Acesso em: 23 mar. 2025.

JANTAN, Siti Zainab; POH, Keong Bun and GINIBUN, Florence C. (2024) Comparative transcriptomic study of matured fruit and post-fruit developmental stages in Malaysian durian varieties. *Plant Gene*, [S. l.], v. 39, p. 100463. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.plgene.2024.100463>. Acesso em: 30 mar. 2025.

JIA, Xin; GAO, Huan; ZHANG, Lei; TANG, Wei; WEI, Guoqing; SUN, Jing; XIONG, Wei. Expression of Foxtail Millet bZIP Transcription Factor SibZIP67 Enhances Drought Tolerance in Arabidopsis. *Biomolecules*, v. 14, n. 8, p. 958, 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/biom14080958>. Acesso em: 16 de julho de 2025.

JUNG, Changkyun; NGUYEN, Ngoc Han; CHEONG, Jae Joon. Transcriptional Regulation of Protein Phosphatase 2C Genes to Modulate Absciscic Acid Signaling. *Int J Mol Sci.*, v. 21, n. 24, p. 9517, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/ijms21249517>. Acesso em: 16 de julho de 2025.

JURADO-FLORES, Ana; AROCA, Ángeles; ROMERO, Luis C.; GOTOR, Cecilia. Sulfide promotes tolerance to drought through protein persulfidation in *Arabidopsis*. *Journal of Experimental Botany*, v. 74, n. 15, p. 4654–4669, 17 ago. 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/jxb/erad165>. Acesso em: 03 jul. 2025.

KAMAL, Nahid; TSARDAKAS RENHULDT, Natalie; BENTZER, Johan; et al. The mosaic oat genome gives insights into a uniquely healthy cereal crop. *Nature*, [S. l.], v. 606, n. 7912, p. 113–119, jun. 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41586-022-04732-y>. Acesso em: 03 jul. 2025.

KANT, Kamal; RIGÓ, Gábor; FARAGÓ, Dóra; BENYÓ, Dániel; TENGÖLICS, Roland; SZABADOS, László; ZSIGMOND, Laura. Mutation in *Arabidopsis* mitochondrial Pentatricopeptide repeat 40 gene affects tolerance to water deficit. *Planta*, v. 259, p. 78, 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s00425-024-04354-w>. Acesso em: 16 de jul. de 2025.

KHAN, Rizwan M. I.; REDDY, Pradeep and GUPTA, Rupesh (Eds.) (2022) *Advancements in Developing Abiotic Stress-Resilient Plants: Basic Mechanisms to Trait Improvements*. 1. ed. Boca Raton: CRC Press. Disponível em: <https://doi.org/10.1201/9781003159636>. Acesso em: 1 abr. 2025.

KHOSO, Muhammad Ali; HUSSAIN, Altaf; RITONGA, Fauzan Najib; ALI, Qurban; CHANNA, Muhammad Mithal; ALSHEGAIHI, Raddad Mohammed; MENG, Qingjie; ALI, Mubshar; ZAMAN, Waqar; BROHI, Rasool Dad; LIU, Feng; MANGHWAR, Hidayatullah. WRKY transcription factors (TFs): Molecular switches to regulate drought, temperature, and salinity stresses in plants. *Front Plant Sci.*, v. 13, p.

1039329, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1039329>. Acesso em: 16 de julho de 2025.

KIM, Daehwan; PAGGI, Jean-Mathieu; PARK, Chong; BENNETT, Christopher and SALZBERG, Steven L. (2019) Graph-based genome alignment and genotyping with HISAT2 and HISAT-genotype. *Nat Biotechnol.*, v. 37, n. 8, p. 907-915. doi: 10.1038/s41587-019-0201-4. Acesso em: 14 abr. 2025.

KIM, June-Sik; KIDOKORO, Satoshi; YAMAGUCHI-SHINOZAKI, Kazuo and SHINOZAKI, Kazuo (2024) Regulatory networks in plant responses to drought and cold stress. *Plant Physiology*, v. 195, n. 1, p. 170–189, maio 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/plphys/kiae105>. Acesso em: 23 mar. 2025.

KOU, Xiaobing; ZHAO, Zhen; XU, Xinqi; LI, Chang; WU, Juyou; ZHANG, Shaoling. Identification and expression analysis of ATP-binding cassette (ABC) transporters revealed its role in regulating stress response in pear (*Pyrus bretschneideri*). *BMC Genomics*, v. 25, p. 169, 2024b. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s12864-024-10063-1>. Acesso em: 16 de julho de 2025.

KOU, Xiang; ZHAO, Zheng; XU, Xue; et al. Identification and expression analysis of ATP-binding cassette (ABC) transporters revealed its role in regulating stress response in pear (*Pyrus bretschneideri*). *BMC Genomics*, v. 25, p. 169, 2024a. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s12864-024-10063-1>. Acesso em: 03 jul. 2025.

KOU, Yuanyuan; SU, Bo; YANG, Shiyu; MENG, Yu; ZHANG, Xi; YAN, Shuxiao; ZHANG, Xiaohan; LEI, Xiangdong; ZHANG, Shuxin. Phosphorylation of Arabidopsis NRT1.1 regulates plant stomatal aperture and drought resistance in low nitrate condition. *BMC Plant Biol*, v. 25, p. 95, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s12870-024-06008-1>. Acesso em: 16 de julho de 2025.

KUMAR, Sunil; SEEM, Komal; KUMAR, Sachin; et al. (2022) RNA-seq analysis reveals the genes/pathways responsible for genetic plasticity of rice to varying environmental conditions on direct-sowing and transplanting. *Scientific Reports*, v. 12, p. 2241. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41598-022-06009-w>. Acesso em: 1 abr. 2025.

KUMAR, Rajesh; DAS, Satish P.; CHOUDHURY, Bikash U.; et al. (2024) Advances in genomic tools for plant breeding: harnessing DNA molecular markers, genomic selection, and genome editing. *Biological Research*, v. 57, p. 80. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s40659-024-00562-6>. Acesso em: 1 abr. 2025.

KUSHIRO, Tetsuo; OKAMOTO, Masanori; NAKABAYASHI, Kazumi; YAMAGISHI, Kazutoshi; KITAMURA, Sayaka; ASAMI, Tadao; HIRAI, Nobuhiro; KOSHIBA, Tomokazu; KAMIYA, Yuji; NAMBARA, Eiji. The Arabidopsis cytochrome P450 CYP707A encodes ABA 8'-hydroxylases: key enzymes in ABA catabolism. *The EMBO Journal*, v. 23, p. 1647–1656, 2004. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/sj.emboj.7600121>. Acesso em: 03 jul. 2025.

KUSHWAHA, Santosh K.; GRIMBERG, Åsmund; CARLSSON, Ann-Sofie and HOFVANDER, Per (2019) Charting oat (*Avena sativa*) embryo and endosperm transcription factor expression reveals differential expression of potential importance for seed development. *Molecular Genetics and Genomics*, v. 294, p. 1183–1197. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s00438-019-01571-x>. Acesso em: 1 abr. 2025.

LI, Bo; SUN, Chengdong; LI, Jinfang. (2024) Targeted genome-modification tools and their advanced applications in crop breeding. *Nature Reviews Genetics*, v. 25, p. 603–622. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41576-024-00720-2>. Acesso em: 1 abr. 2025.

LI, Dan; ZAND, Michael S.; DYE, Tyler D.; GONIEWICZ, Maciej L.; RAHMAN, Intisar; et al. (2022) An evaluation of RNA-seq differential analysis methods. PLOS ONE, v. 17, n. 9, e0264246. Disponível em: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0264246>. Acesso em: 31 mar. 2025.

LI, Jiazhen; ZHANG, Le; LI, Chong; CHEN, Weiyi; WANG, Tianyu; TAN, Lu; QIU, Ying; SONG, Shufang; LI, Bing; LI, Li. The Pentatricopeptide Repeat Protein OsPPR674 Regulates Rice Growth and Drought Sensitivity by Modulating RNA Editing of the Mitochondrial Transcript ccmC. Int. J. Mol. Sci., v. 26, p. 2646, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/ijms26062646>. Acesso em: 16 de julho de 2025.

LI, Wei; WANG, Yu; LIU, Jia; HE, Qin; ZHOU, Yue; LI, Ming; LIU, Nannan; LIANG, Hai; YUN, Yingjuan; GONG, Zhenhai and DU, Huiping (2025) A gap-free complete genome assembly of oat and OatOmics, a multi-omics database. Molecular Plant, v. 18, p. 179 - 182. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.molp.2025.01.006>. Acesso em: 28 fev. 2025.

LIEBERMAN-AIDEN, Erez; VAN BERKUM, Nynke L.; WILLIAMS, Louise; IMAKALEV, Maxim; RAGOCZY, Tobias; TAZUMI, Agnes; SANYAL, Amitabh; HABER, Leonid; LIEBERMAN-AIDEN, Gennady; et al. Comprehensive mapping of long-range interactions reveals folding principles of the human genome. *Science*, v. 326, n. 5950, p. 289–293, 2009. DOI: <https://doi.org/10.1126/science.1181369>. Acesso em: 15 jul. 2025.

LIMA, Nicole Guimarães; LIMA, Gabriela Nepomuceno; ABREU, Viviane Gomes da Costa; LOPES, Paulo Henrique Silva and COSTA, Joyce Maria Gomes da (2024) Effects of native oat starch on vitamin B12 microencapsulation: New perspectives on encapsulants. Powder Technology, v. 434, p. 119325. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.powtec.2023.119325>. Acesso em: 27 mar. 2025.

LIM, Jihee; LIM, Chang-Woo; LEE, Sang-Choon. Pepper Novel Serine-Threonine Kinase CaDIK1 Regulates Drought Tolerance via Modulating ABA Sensitivity. *Frontiers in Plant Science*, v. 11, p. 1133, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.01133>. Acesso em: 03 jul. 2025.

LIU, Jian; LIU, Jie; WANG, Haoran; KHAN, Ahmad; XU, Yuan; HOU, Yaqin; WANG, Yucheng; ZHOU, Zhiying; ZHENG, Jing; LIU, Fei; CAI, Xiaoyang. Genome wide identification of GDSL gene family explores a novel GhirGDSL26 gene enhancing drought stress tolerance in cotton. *BMC Plant Biology*, v. 23, n. 1, p. 14, 7 jan. 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s12870-022-04001-0>. Acesso em: 03 jul. 2025.

LIU, Na; LI, Wei; QIN, Yan; YUN, Yaoguo; YAN, Jun; SUN, Qi; DU, Changqing; HE, Qingyun; WANG, Siyu; GONG, Zhimin; DU, Huibin. Comprehensive co-expression network reveals the fine-tuning of AsHSFA2c in balancing drought tolerance and growth in oat. *Commun Biol.*, v. 8, n. 1, p. 393, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s42003-025-07857-8>. Acesso em: 16 de julho de 2025.

LIU, Qian; XIONG, Guohao; WANG, Zhangyan; et al. (2024) Chromosome-level genome assembly of the diploid oat species *Avena longiglumis*. *Scientific Data*, v. 11, p. 412. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41597-024-03248-6>. Acesso em: 28 fev. 2025.

LOSKUTOV, Igor G. and RINES, Howard W. (2011) Avena. In: *Wild Crop Relatives: Genomic and Breeding Resources*. [S.l.]: Springer, p. 109–183. Disponível em: https://doi.org/10.1007/978-3-642-14228-4_3. Acesso em: 27 mar. 2025.

LOVE, Michael I.; HUBER, Wolfgang; ANDERS, Simon. Moderated estimation of fold change and dispersion for RNA-seq data with DESeq2. *Genome Biology*, v. 15, p. 550, 2014. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s13059-014-0550-8>. Acesso em: 27 mar. 2025.

LU, Yu-Ting; LIU, Dong-Feng; WEN, Ting-Ting; FANG, Zheng-Juan; CHEN, Shuang-Yan; LI, Hui; GONG, Jin-Ming. Vacuolar nitrate efflux requires multiple functional redundant nitrate transporter in *Arabidopsis thaliana*. *Front. Plant Sci.*, v. 13, p. 926809, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.926809>. Acesso em: 16 de julho de 2025.

LUAN, Sheng (2003) Protein Phosphatases in Plants. *Annual Review of Plant Biology*, v. 54, p. 63-92. Disponível em: <https://doi.org/10.1146/annurev.arplant.54.031902.134743>. Acesso em: 30 mar. 2025.

LUX, Thomas (2022) Structural annotation, pseudomolecules, and analyses of *Avena sativa* (cv. Sang), *Avena insularis* (BYU209) and *Avena longiglumis* (CN58138). 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.5447/ipk/2022/2>. Acesso em: 31 mar. 2025.

MA, Ang; LIU, Tao; TIAN, Wei; CHEN, Hao; WANG, Guozhi and ZHANG, Bo (2025) Physiological and molecular profiling unveils oat (*Avena sativa* L.) defense mechanisms against powdery mildew. *Front. Plant Sci.* 16:1580472. doi: 10.3389/fpls.2025.1580472. Acesso em: 27 mar. 2025.

MA, Yue; LIU, Hongshan; WANG, Jinling; YANG, Li; ZHAO, Tingting; DONG, Xiaopeng; SUN, Mengnan and LI, Aiyun (2024) Genomic identification and expression profiling of DMP genes in oat (*Avena sativa*) elucidate their responsiveness to seed aging. *BMC Genomics*, v. 25, p. 863. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s12864-024-10743-y>. Acesso em: 28 fev. 2025.

MAIA, Diego. Avaliação de cultivares de aveia sob diferentes níveis de déficit hídrico. 2017. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Engenharia Agrônoma) – Universidade Federal de São João del-Rei, Sete Lagoas, MG, 2017. Disponível em: <https://ufsj.edu.br/portal2->

repositorio/File/ceagr/Diego_Maia_TCC%20%281%29.pdf. Acesso em: 15 jul. 2025.

MAUGHAN, Peter J.; LEE, Rebekah; WALSTEAD, Rachel; VICKERSTAFF, Robert J.; FOGARTY, Melissa C.; BROUWER, Cory R.; REID, Robert R.; JAY, Jeremy J.; BEKELE, Wubishet A.; JACKSON, Eric W.; TINKER, Nicholas A.; LANGDON, Tim; SCHLUETER, Jessi¹ca A. and JELLEN, Eric N. (2019) Genomic insights from the first chromosome-scale assemblies of oat (*Avena spp.*) diploid species. BMC Biology, v. 17, p. 92. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s12915-019-0712-y>. Acesso em: 27 mar. 2025.

MAXIMINO, Josiane Vargas de Oliveira; BARROS, Lílían Moreira; PEREIRA, Rodrigo Mendes; SANTI, Ivandra Ighes de; ARANHA, Bianca Camargo; BUSANELLO, Carlos; VIANA, Vívian Ebeling; FREITAG, Rogério Antonio; BATISTA, Bruno Lemos and OLIVEIRA, Antonio Costa de (2021) Mineral and fatty acid content variation in white oat genotypes grown in Brazil. Biological Trace Element Research, v. 199, p. 1194–1206. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s12011-020-02229-1>. Acesso em: 28 fev. 2025.

MICHEL, Burton E. and KAUFMANN, Merrill R. (1973) The osmotic potential of polyethylene glycol 6000. Plant Physiology, v. 51, n. 5, p. 914-916. Disponível em: <https://doi.org/10.1104/pp.51.5.914>. Acesso em: 28 fev. 2025.

MOTSHWENE, Palesa; KARREMAN, René; KGARI, Goitsewang; BRANDT, Wilhelm and LINDSEY, Geoff (2004) LEA (late embryonic abundant)-like protein Hsp 12 (heat-shock protein 12) is present in the cell wall and enhances the barotolerance of the yeast *Saccharomyces cerevisiae*. Biochemical Journal, v. 377, n. 3, p. 769–774. Disponível em: <https://doi.org/10.1042/bj20031301>. Acesso em: 23 mar. 2025.

MÜLLER, Marie B. D.; BECKER, Tobias; DENK, Tim; HASHIMOTO, Shoji; INADA, Takeshi e BECKMANN, Roland (2025) The ribosome as a platform to coordinate

mRNA decay. *Nucleic Acids Research*, v. 53, n. 4. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/nar/gkaf049>. Acesso em: 28 fev. 2025.

MURPHY, James P. and HOFFMAN, Lawrence A. (1992) The origin, history, and production of oats. In: *The Oat Crop*. Springer, p. 1-28. Acesso em: 28 fev. 2025.

MUT, Zekiye e AKAY, Hakan (2010) Effect of seed size and drought stress on germination and seedling growth of naked oat (*Avena sativa* L.). *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, v. 16, n. 4, p. 459–467. Disponível em: <https://www.agrojournal.org/16/04-08-10.pdf>. Acesso em: 20 jun. 2025.

NAN, Junjie; LING, Yifei; AN, Junzhe; WANG, Tingting; CHAI, Mengjie; FU, Juan; WANG, Guangxiao; YANG, Chunhe; YANG, Yali and HAN, Bin (2022) Genome resequencing reveals independent domestication and breeding improvement of naked oat. *Gigascience*, v. 12. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/gigascience/giad061>. Acesso em: 28 fev. 2025.

NAUMANN, Gustavo; CAMMALLERI, Carmelo; MENTASCHI, Lorenzo and FEYEN, Luc (2021) Increased economic drought impacts in Europe with anthropogenic warming. *Nature Climate Change*, v. 11, p. 485–491. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41558-021-01044-3>. Acesso em: 10 jan. 2025.

NEPOMUCENO, Alexandre Lima; NEUMAIER, Norman; FARIAS, José Renato Bouças. Perdas por seca. Agência de Informação Tecnológica – Embrapa, 08 dez. 2021. Disponível em: <https://www.embrapa.br/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/soja/pre-producao/caracteristicas-da-especie-e-relacoes-com-o-ambiente/exigencias-climaticas/agua/perdas-por-seca>. Acesso em: 10 abr. 2025.

NETO, Ernani Garcia; FUENTES-GUEVARA, Miguel David; RAMPIM, Leandro; GIAROLA, Nilza Fabíola Benítez; TORMENA, Cássio Antonio and POTT, Cristiano André (2024) Drought Resistance of Cover Crops and Grain Crops in Oxisols in

Southern Brazil. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, v. 24, p. 8046–8055. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s42729-024-02097-x>. Acesso em: 27 mar. 2025.

NIU, Shuai; GU, Xiang; ZHANG, Qiang; TIAN, Xin; CHEN, Zhengguo; LIU, Jinzhao; WEI, Xiaodong; YAN, Chunhui; LIU, Zhigang; WANG, Xing; ZHU, Zhengke. Grapevine bZIP transcription factor bZIP45 regulates VvANN1 and confers drought tolerance in Arabidopsis. *Front. Plant Sci.*, v. 14, p. 1128002, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1128002>. Acesso em: 16 de julho de 2025.

O'LEARY, N. A.; WRIGHT, Mathew W.; BRISTER, J. Rodney; CIUFO, Stacy; HADDAD, Diana; MCVEIGH, Rich; RAJPUT, Bhanu; ROBERTSE, Barbara; SMITH-WHITE, Brian; AKO-ADJEI, Danso; ASTASHYN, Alexander; BADRETDIN, Azat; BAO, Yiming; BLINKOVA, Olga; BROVER, Vyacheslav; CHETVERNIN, Vyacheslav; CHOI, Jinna; COX, Eric; ERMOLAEVA, Olga; FARRELL, Catherine M.; GOLDFARB, Tamara; GUPTA, Tripti; HAFT, Daniel; HATCHER, Eneida; HLAVINA, Wratko; JOARDAR, Vinita S.; KODALI, Vamsi K.; LI, Wenjun; MAGLOTT, Donna; MASTERSON, Patrick; MCGARVEY, Kelly M.; MURPHY, Michael R.; O'NEILL, Kathleen; PUJAR, Shashikant; RANGWALA, Sanjida H.; RAUSCH, Daniel; RIDDICK, Lillian D.; SCHOCH, Conrad; SHKEDA, Andrei; STORZ, Susan S.; SUN, Hanzhen; THIBAUD-NISSEN, Francoise; TOLSTOY, Igor; TULLY, Raymond E.; VATSAN, Anjana R.; WALLIN, Craig; WEBB, David; WU, Wendy; LANDRUM, Melissa J.; KIMCHI, Avi; TATUSOVA, Tatiana; DICUCCIO, Michael; KITTS, Paul; MURPHY, Terence D.; PRUITT, Kim D. Reference sequence (RefSeq) database at NCBI: current status, taxonomic expansion, and functional annotation. *Nucleic Acids Research*, Oxford, v. 44, n. D1, p. D733–D745, jan. 2016. DOI: 10.1093/nar/gkv1189. Disponível em: <https://academic.oup.com/nar/article/44/D1/D733/2502674>. Acesso em: 03 jul. 2025.

OLIVEROS, J. C. Venny: an interactive tool for comparing lists with Venn's diagrams. [S.l.], 2007–2015. Disponível em: <https://bioinfogp.cnb.csic.es/tools/venny/index.html>. Acesso em: 01 jul. 2025.

OZTURK, Musa; TURKYILMAZ UNAL, Burcu; GARCÍA-CAPARRÓS, Pedro; KHURSHEED, Asma; GUL, Ayhan; HASANUZZAMAN, Mirza and SOTtilotta, Silvana (2020) Osmoregulation and its actions during the drought stress in plants. *Physiologia Plantarum*. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/ppl.13297>. Acesso em: 28 fev. 2025.

PANDIAN, Balaji Aravindhan; SATHISHRAJ, Rajendran; DJANAGUIRAMAN, Maduraimuthu; PRASAD, P. V. Vara; JUGULAM, Mithila. Role of Cytochrome P450 Enzymes in Plant Stress Response. *Antioxidants*, Basel, v. 9, n. 5, art. 454, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/antiox9050454>. Acesso em: 03 jul. 2025.

PANDITA, Deebea e PANDITA, Anchal (Eds.) (2023) Plant MicroRNAs and Stress Response. 1. ed. Boca Raton: CRC Press. Disponível em: <https://doi.org/10.1201/9781003322214>. Acesso em: 30 mar. 2025.

PAN, Jing; JU, Zeliang; MA, Xiang; DUAN, Lianxue and JIA, Zhifeng (2024) Genome-wide characterization of TCP family e their potential roles in abiotic stress resistance of oat (*Avena sativa* L.). *Frontiers in Plant Science*, v. 15. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1382790>. Acesso em: 28 fev. 2025.

PARK, Sang-Youl; PARK, Chan; KIM, Hyun-Suk; LEE, Youn-Ju; KIM, Kwang-Hyun; LEE, Sang-Cheol; NAM, Hong-Gil e HWANG, Inhwan (2009) Absciscic Acid Inhibits Type 2C Protein Phosphatases via the PYR/PYL Family of START Proteins. *Science*, v. 324, p. 1068-1071. Disponível em: <https://doi.org/10.1126/science.1173041>. Acesso em: 30 mar. 2025.

PENG, Jinghan; LEI, Xiong; LIU, Tianqi; XIONG, Yi; WU, Jiqiang; XIONG, Yanli; YOU, Minghong; ZHAO, Junming; ZHANG, Jian e MA, Xiao (2025) Integration of machine learning and genome-wide association study to explore the genomic prediction accuracy of agronomic trait in oats (*Avena sativa* L.). *Plant Genome*, v. 18, n. 1. Disponível em: <https://doi.org/10.1002/tpg2.20549>. Acesso em: 28 fev. 2025.

PENG, Yu; YAN, Hongjie; GUO, Lin; ZHANG, Wenli; LI, Jun; LI, Ming; ZHANG, Xiaojun; SHI, Zhipeng; LIU, Ning; LIU, Dengcai; WANG, Yu; TINKER, Nicholas A.; LIU, Haiyan e ZHANG, Guoping (2022) Reference genome assemblies reveal the origin and evolution of allohexaploid oat. *Nature Genetics*, v. 54, p. 1248–1258. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41588-022-01127-7>. Acesso em: 28 fev. 2025.

PUCHTA, Marta; BOCZKOWSKA, Maja e GROSZYK, Joanna (2020) Low RIN Value for RNA-Seq Library Construction from Long-Term Stored Seeds: A Case Study of Barley Seeds.¹ *Genes*, v. 11, p. 1190. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/genes11101190>. Acesso em: 17 mar. 2025.

QI, Bing-jie; JI, Ming-xue e HE, Zhu-qing (2024) Using transcriptome sequencing (RNA-Seq) to screen genes involved in β -glucan biosynthesis and accumulation during oat seed development. *PeerJ*, v. 12, e17804. Disponível em: <https://doi.org/10.7717/peerj.17804>. Acesso em: 1 abr. 2025.

QIU, Jia-Rui; HUANG, Zhuo; XIANG, Xiang-Ying; XU, Wen-Xin; WANG, Jia-Tong; CHEN, Jia; SONG, Li; XIAO, Yao; LI, Xi; MA, Jun; CAI, Shi-Zhen; SUN, Ling-Xia; JIANG, Cai-Zhong. MfbHLH38, a *Myrothamnus flabellifolia* bHLH transcription factor, confers tolerance to drought and salinity stresses in *Arabidopsis*. *BMC Plant Biol*, v. 20, p. 542, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s12870-020-02732-6>. Acesso em: 16 de julho de 2025.

RANA, Maneet; PRIYADARSHINI, Parichita; GULERIA, Gunjan; KALDATE, Rahul; KUMAR, Neeraj; GAJGHATE, Rahul; DWIVEDI, K. K. e AHMED, Shahid (2023) Biofortification of Oats (*Avena sativa*). In: Deshmukh, Rakesh; Nadaf, Anilkumar; Ansari, Wahid Ali; Singh, Khushboo and Sonah, Himanshu (eds) Biofortification in Cereals. Springer, Singapore. Disponível em: https://doi.org/10.1007/978-981-19-4308-9_11. Acesso em: 16 jun. 2025.

RISSE, Davide; SCHWARTZ, Kasper; SHERLOCK, Gavin and DEGNÉREAU, Antoine V. (2011) GC-Content Normalization for RNA-Seq Data. BMC Bioinformatics, v. 12, p. 480. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/1471-2105-12-480>. Acesso em: 1 abr. 2025.

ROBINSON, Mark D. and OSHLACK, Alicia (2010) A scaling normalization method for differential expression analysis of RNA-seq data. Genome Biology, v. 11, p. R25. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/gb-2010-11-3-r25>. Acesso em: 1 abr. 2025.

R DEVELOPMENT CORE TEAM (2024) R: a language and environment for statistical computing. Versão 4.4.1. [S. l.]: R Foundation for Statistical Computing. Disponível em: <https://www.r-project.org/>. Acesso em: 28 fev. 2025.

ROMANELLO, Marina; et al. (2024) The 2024 report of the Lancet Countdown on health and climate change: facing record-breaking threats from delayed action. The Lancet, v. 404, n. 10465, p. 1847–1896. Disponível em: [https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736\(24\)01822-1/fulltext](https://www.thelancet.com/journals/lancet/article/PIIS0140-6736(24)01822-1/fulltext). Acesso em: 9 dez. 2024.

SALVI, Prafull; MANNA, Mrinalini; KAUR, Harmeet; THAKUR, Tanika; GANDASS, Nishu; BHATT, Deepesh e MUTHAMILARASAN, Muthusamy (2021) Phytohormone signaling and crosstalk in regulating drought stress response in plants. Plant Cell Reports, v. 40, p. 1305–1329. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s00299-021-02683-8>. Acesso em: 28 fev. 2025.

SETREM (2021) Informações técnicas para a cultura da aveia: Resultados Experimentais da Rede Cooperativa de Pesquisa Aveia (RCBPA). Alegrete: SETREM. Disponível em: https://setrem.edu.br/wp-content/uploads/2021/11/INFORMACOES_TECNICAS_PARA_A_CULTURA_DA_AVEIA_SETREM_XL_RCBPA_2021-10-11-2021_compressed.pdf. Acesso em: 28 fev. 2025.

SHAIKH, Asif Ali; CHACHAR, Sadam; CHACHAR, Muhammad Ibrahim; AHMED, Naeem; GUAN, Chao and ZHANG, Peng (2022) Recent advances in DNA methylation and their potential breeding applications in plants. *Horticulturae*, v. 8, p. 562. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/horticulturae8070562>. Acesso em: 28 fev. 2025.

SHAPIRO, Samuel S. and WILK, Martin B. (1965) An analysis of variance test for normality (complete samples), *Biometrika*, v. 52, n. 3-4, p. 591–611. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/biomet/52.3-4.591>. Acesso em: 28 fev. 2025.

SCHIAVINATO, Manuel; BODRUG-SCHEPERS, Anastasia; DOHM, Julius C. and HIMMELBAUER, Heinz (2021) Subgenome evolution in allotetraploid plants. *Plant J.*, v. 106, n. 3, p. 672-688. doi: 10.1111/tpj.15190. Acesso em: 28 fev. 2025.

SHRESTHA, Ram Krishna; LUBINSKY, Baruch; BANSODE, Vijay B.; MOINZ, Mónica B.J.; McCORMACK, Grace P.; TRAVERS, Simon A. *QTrim: a novel tool for the quality trimming of sequence reads generated using the Roche/454 sequencing platform. BMC Bioinformatics*, v. 15, art. 33, 30 jan. 2014. DOI: 10.1186/1471-2105-15-33. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/1471-2105-15-33>. Acesso em: 23 mar. 2025.

SHI, Yao; LIU, Xiaolan; ZHAO, Song; GUO, Yan. The PYR-PP2C-CKL2 module regulates ABA-mediated actin reorganization during stomatal closure. *New Phytol.*,

v. 233, n. 5, p. 2168-2184, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/nph.17933>. Acesso em: 16 de julho de 2025.

SILVA, Ana Carolina da; SANT'ANNA, Iria Costa; SILVA, Matheus José da; BHERING, Lilian Lúcia; NASCIMENTO, Márcio; CARVALHO, Ivan Ricardo; SILVA, João Alencar Gullich da e CRUZ, Cosme Damião (2024) Trait prediction through computational intelligence and machine learning applied to the improvement of white oat (*Avena sativa* L.). Revista Ceres, v. 71. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/0034-737X2024710045>. Acesso em: 28 fev. 2025.

SIMÃO, Felipe A.; WATERHOUSE, Robert M.; IOANNOU, Eva V.; GONSEGUR, Paul; MEMARI, Pouya; ROOS, David S. e ZDOBNOV, Evgeny M. (2015) BUSCO: Assessing genome assembly and annotation completeness with single-copy orthologs. Bioinformatics, v. 31, p. 3210–3212. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btv351>. Acesso em: 1 abr. 2025.

SINGH, Aditi; BANERJEE, Avishek e ROYCHOUDHURY, Animesh (2022b) Fluoride tolerance in rice is negatively regulated by the 'stress-phytohormone' abscisic acid (ABA), but promoted by ABA-antagonist growth regulators, melatonin, and gibberellic acid. Protoplasma, v. 259, p. 1331–1350. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s00709-022-01740-7>. Acesso em: 23 mar. 2025.

SINGH, Anjali; KUMARI, Anamika and CHAUHAN, Amrendra Kumar (2022a) Formulation e evaluation of novel functional snack bar with amaranth, rolled oat, and unripened banana peel powder. Journal of Food Science and Technology, v. 59, p. 3511–3521. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s13197-021-05344-6>. Acesso em: 9 dez. 2024.

SINGH, Jitender; DAS, Shubhashis; GUPTA, Kapuganti Jagadis; RANJAN, Aashish; FOYER, Christine H.; THAKUR, Jitendra Kumar. Physiological implications of SWEETs in plants and their potential applications in improving source–sink

relationships for enhanced yield. *Plant Physiology*, 2022c. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/pbi.13982>. Acesso em: 16 de julho de 2025.

SINGH, Raj Kumar; DESHMUKH, Rachit; MUTHAMILARASAN, Muthusamy; RANI, Raj and PRASAD, Manoj (2020) Versatile roles of aquaporin in physiological processes and stress tolerance in plants.¹ *Plant Physiology and Biochemistry*, v. 149, p. 178–189, Apr. 2020. doi: 10.1016/j.plaphy.2020.02.009. Acesso em: 9 dez. 2024.

SOMA, Fumiko; TAKAHASHI, Fuminori; YAMAGUCHI-SHINOZAKI, Kazuo and SHINOZAKI, Kazuo (2021) Cellular Phosphorylation Signaling e Gene Expression in Drought Stress Responses: ABA-Dependent and ABA-Independent Regulatory Systems. *Plants*, v. 10, p. 756. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/plants10040756>. Acesso em: 23 mar. 2025.

STEWART, Derek e McDOUGALL, Gordon (2014) Oat agriculture, cultivation and breeding targets: implications for human nutrition and health. *British Journal of Nutrition*, v. 112, supl. 2, p. S50-S57. Disponível em: <https://doi.org/10.1017/S0007114514002736>. Acesso em: 15 jan. 2025.

SU, Meng; WANG, Shuang; LIU, Wei; YANG, Mengmeng; ZHANG, Zhenzhen; WANG, Nan; LIU, Chang e CHEN, Xuesen (2022) Interaction between MdWRKY55 and MdNAC17-L enhances salt tolerance in apple by activating MdNHX1 expression. *Plant Science*, v. 320, p. 111282. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2022.111282>. Acesso em: 23 mar. 2025.

SU, Peiqiang; SUI, Chen; NIU, Ying; LI, Jie; WANG, Shun; SUN, Fang; YAN, Jia; GUO, Shunxing. Comparative transcriptomic analysis and functional characterization reveals that the class III peroxidase gene TaPRX-2A regulates drought stress tolerance in transgenic wheat. *Frontiers in Plant Science*, v. 14,

p. 1119162, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1119162>. Acesso em: 03 jul. 2025.

SUN, Ling; LAI, Miaomiao; GHOURI, Fariha; NAWAZ, Muhammad Awais; ALI, Faizan; BALOCH, Fateh Singh; NADEEM, Muhammad Amjad; AASIM, Muhammad e SHAHID, Muhammad Qasim (2024) Modern plant breeding techniques in crop improvement and genetic diversity: from molecular markers and gene editing to artificial intelligence—a critical review. *Plants*, v. 13, n. 19, p. 2676. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/plants13192676>. Acesso em: 28 fev. 2025.

SUN, Wei; DING, Liang and ZHANG, Haili (2022) The potential role of RNA structure in crop molecular breeding. *Frontiers in Plant Science*, v. 13. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/plant-science/articles/10.3389/fpls.2022.868771>. Acesso em: 6 fev. 2025.

TAIR, THE ARABIDOPSIS INFORMATION RESOURCE (2025) The Arabidopsis Information Resource. Disponível em: <http://arabidopsis.org>. Acesso em: 26 jun. 2025.

TAMIZHSELVAN, Palanisamy; MADHAVAN, Sureshkumar; CONSTAN-AGUILAR, Cristina; ELREFAAY, Elsayed R.; LIU, Jinxia; PĚNČÍK, Aleš; NOVÁK, Ondřej; CAIRÓ, Alberto; HRTYAN, Monika; GEISLER, Markus; TOGNETTI, Victoria B. Chloroplast Auxin Efflux Mediated by ABCB28 and ABCB29 Fine-Tunes Salt and Drought Stress Responses in Arabidopsis. *Plants (Basel)*, v. 13, n. 1, p. 7, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/plants13010007>. Acesso em: 16 de julho de 2025.

TARAZONA, Sonia; FURIO-TARI, Pedro; TURRA, David; DI PIETRO, Antonio; NUEDA, Maria Jose; FERRER, Alberto e CONESA, Ana (2015) Data quality aware analysis of differential expression in RNA-seq with NOISeq R/Bioc package. *Nucleic*

Acids Research, p. gkv711. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/nar/gkv711>. Acesso em: 1 abr. 2025.

TAVARES, Maria José C. M. S.; ZANETINI, Maria Helena B. e CARVALHO, Francisco I. F. (1993) Origem e evolução do gênero *Avena*: suas implicações no melhoramento genético. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v. 28, n. 4, p. 499-507. Acesso em: 1 abr. 2025.

THAKUR, Shivani e VASUDEV, Parshant G. (2022) MYB transcription factors and their role in Medicinal plants. Molecular Biology Reports, v. 49, p. 10995–11008. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s11033-022-07825-z>. Acesso em: 23 mar. 2025.

TINKER, Nicholas A.; WIGHT, Charlene P.; BEKELE, Wubishet A.; YAN, Weikai; JELLEN, Eric N.; RENHULDT, Nikos Tsardakas; SIRIOVSKI, Nick; LUX, Thomas; SPANNAGL, Manuel e MASCHER, Martin (2022) Genome analysis in *Avena sativa* reveals hidden breeding barriers and opportunities for oat improvement. Communications Biology, v. 5, p. 474. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s42003-022-03256-5>. Acesso em: 28 fev. 2025.

TOMAR, Maharishi e SINGH, Prabha (Ed.) (2024) Oat (*Avena sativa*): Production to Plate. 1. ed. Boca Raton: CRC Press. E-book. Disponível em: <https://doi.org/10.1201/9781003263302>. Acesso em: 27 mar. 2025.

TYAGI, Suman; SHUMAYLA; SHARMA, Yogesh; MADHU; SHARMA, Anil; PANDEY, Amit; SINGH, Kuldeep; UPADHYAY, Santosh Kumar. TaGPX1-D overexpression provides salinity and osmotic stress tolerance in Arabidopsis. *Plant Science*, v. 337, p. 111881, dez. 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2023.111881>. Acesso em: 03 jul. 2025.

JAIN, Harsh Kumar. *Oat (Avena sativa): Production to Plate*. 1. ed. Boca Raton: CRC Press, 2024. E-book. Disponível em: <https://doi.org/10.1201/9781003263302>. Acesso em: 27 mar. 2025.

MAHESHWARI, Dinesh. *Oat (Avena sativa): Production to Plate*. 1. ed. Boca Raton: CRC Press, 2024. E-book. Disponível em: <https://doi.org/10.1201/9781003263302>. Acesso em: 27 mar. 2025.

TRIPODI, Paolo (2023) The evolution of molecular genotyping in plant breeding. *Agronomy*, v. 13, p. 2569. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/agronomy13102569>. Acesso em: 28 fev. 2025.

TUKEY, John W. (1949) Comparing Individual Means in the Analysis of Variance. *Biometrics*, Washington, D.C., v. 5, n. 2, p. 99–114. Disponível em: <https://doi.org/10.2307/3001913>. Acesso em: 28 fev. 2025.

VALIFARD, Mehdi; KHAN, Asif; BERG, Johannes; LE HIR, Rémi; POMMERENIG, Ben; NEUHAUS, H. Ekkehard; KELLER, Iris. Carbohydrate distribution via SWEET17 is critical for Arabidopsis inflorescence branching under drought. *J Exp Bot.*, v. 75, n. 13, p. 3903-3919, 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/jxb/erae135>. Acesso em: 16 de julho de 2025.

VICENTE-SERRANO, Sergio M.; PEÑA-ANGULO, Daniel; BEGUERÍA, Santiago; DOMÍNGUEZ-CASTRO, Fernando; TOMÁS-BURGUERA, Miguel; NOGUERA, Inmaculada; GIMENO-SOTELO, Luis e EL KENAWY, Ahmed (2022) Global drought trends and future projections. *Philosophical Transactions of the Royal Society A. Mathematical, Physical and Engineering Sciences*, v. 380, n. 2233. Disponível em: <https://doi.org/10.1098/rsta.2021.0285>. Acesso em: 10 jan. 2025.

VILLELA, F. A; DONI FILHO, L; SEQUEIRA, E. L. Tabela de Potencial Osmótico em Função da Concentração de Polietileno Glicol 6.000 e da Temperatura. *Pesquisa*

Agropecuária Brasileira, Brasília, v. 26, n. 11/12, p. 1957-1968, nov./dez. 1991. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/bitstream/doc/106202/1/pab18novdez91.pdf>. Acesso em: 21 de julho de 2025.

WALL, Larry; SCHWARTZ, Randal L.; CHRISTIANSEN, Tom e ORWANT, Jon (2012) Programming Perl, 4. ed. Sebastopol, CA: O'Reilly Media. Acesso em: 10 jan. 2025.

WANG, Chengcai; YANG, Hui; YUE, Lin; SUN, Wei; CHEN, Feng; CAO, Xu; et al. (2022a) Physiological and molecular level understanding of advanced carbon dots to enhance maize drought tolerance: modulation of photosynthesis and signaling molecules. *Environmental Science: Nano*, v. 9, p. 3821–3832. Disponível em: <https://doi.org/10.1039/d2en00176d>. Acesso em: 9 dez. 2024.

WANG, Feng; LI, Yan; YUAN, Jing; LI, Chen; LIN, Ying; GU, Jian; WANG, Zhiyong. The U1 small nuclear RNA enhances drought tolerance in Arabidopsis. *Plant Physiology*, v. 196, n. 2, p. 1126-1146, 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/plphys/kiae389>. Acesso em: 04 jul. 2025.

WANG, Tianyi; LI, Yunfei; HUANG, Yumin; ZHAO, Xiaoming; DONG, Zhaobin; JIN, Weiwei; HUANG, Wei. Amino acid permease 6 regulates grain protein content in maize. *The Crop Journal*, v. 10, n. 6, p. 1536-1544, 2022b. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.cj.2022.03.007>. Acesso em: 16 de julho de 2025.

WANG, Tingting e HAN, Bin (2023) Dynamic transcriptome landscape of oat grain development. Research Square. Disponível em: <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-5311808/v1>. Acesso em: 13 dez. 2024.

WATSON, James e CRICK, Francis (1953) Molecular structure of nucleic acids: a structure for deoxyribose nucleic acid. *Nature*, v. 171, n. 4356, p. 737–738. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/171737a0>. Acesso em: 13 dez. 2024.

WEBER, Andreas P. M. (2015) Discovering new biology through RNA-Seq. *Plant Physiology*, v. 169, p. 1524–1531. Disponível em: <https://doi.org/10.1104/pp.15.01081>. Acesso em: 13 fev. 2025.

WEI, Kai; CHEN, Hongwen. Global identification, structural analysis and expression characterization of cytochrome P450 monooxygenase superfamily in rice. *BMC Genomics*, v. 19, p. 35, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s12864-017-4425-8>. Acesso em: 03 jul. 2025.

WILLIAMS, Gemma A.; LIEDE, Sigrun; FAHY, Niall; AITTOMAKI, Krister; PEROLA, Markus; HELANDER, Tuomas; McKEE, Martin e SAGAN, Anna (2020) Regulating the unknown: a guide to regulating genomics for health policy-makers. Copenhagen (Denmark): European Observatory on Health Systems and Policies. (Policy Brief, No. 38.) Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK569502/>. Acesso em: 13 fev. 2025.

XIONG, Guangjie; CUI, Dandan; TIAN, Yanan; SCHWARZACHER, Trude; HESLOP-HARRISON, J. S.; LIU, Qun. Genome-Wide Identification of the Lectin Receptor-like Kinase Gene Family in *Avena sativa* and Its Role in Salt Stress Tolerance. *Int J Mol Sci.*, v. 25, n. 23, p. 12754, (2024b). Disponível em: <https://doi.org/10.3390/ijms252312754>. Acesso em: 16 de julho de 2025.

XIONG, Guangyao; CUI, Dongli; TIAN, Yuhao; SCHWARZACHER, Trude; HESLOP-HARRISON, J. S. e LIU, Qing (2024a) Genome-wide identification of the lectin receptor-like kinase gene family in *Avena sativa* and its role in salt stress tolerance. *International Journal of Molecular Sciences*, v. 25. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/ijms252312754>. Acesso em: 13 fev. 2025.

XU, Weiwei; GUO, Laichun; WANG, Chunlong; WEI, Liming; WANG, Qiang; REN, Qinyong; YANG, Xiwu; ZHAN, Chao; LIANG, Xiaotian; WANG, Junying; et al. Transcriptome Analysis Reveals Drought-Responsive Pathways and Key Genes of Two Oat (*Avena sativa*) Varieties. *Plants*, [S. l.], v. 13, n. 2, p. 177, jan. 2024. DOI: 10.3390/plants13020177. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/plants13020177>. Acesso em: 03 jul. 2025.

XU, Zihan e WANG, Yanyi (2025) Profiling the total transcriptome of single nuclei in archived samples with snRandom-seq. *Nature Reviews Genetics*, v. 26, p. 151–152. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41576-025-00812-7>. Acesso em: 1 mar. 2025.

YAMAGUCHI, Kota; KADOTA, Mitsuteru; NISHIMURA, Osamu; OHISHI, Yuuki; NAITO, Yasuharu e KURAKU, Shigehiro (2021) Technical considerations in Hi-C scaffolding and evaluation of chromosome-scale genome assemblies. *Molecular Ecology*, v. 30, n. 23, p. 5923-5934. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/mec.16146>. Acesso em: 1 mar. 2025.

YAMAGUCHI-SHINOZAKI, Kazuo e SHINOZAKI, Kazuo (2006) TRANSCRIPTIONAL REGULATORY NETWORKS IN CELLULAR RESPONSES AND TOLERANCE TO DEHYDRATION AND COLD STRESSES. *Annual Review of Plant Biology*, v. 57, n. 1, p. 781–803. Disponível em: <https://doi.org/10.1146/annurev.arplant.57.032905.105444>. Acesso em: 23 mar. 2025.

YANG, Xiaoli; LU, Ming; WANG, Yue; WANG, Yong; LIU, Zhipeng e CHEN, Shuang (2021) Response mechanism of plants to drought stress. *Horticulturae*, v. 7, p. 50. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/horticulturae7030050>. Acesso em: 2 mar. 2025.

YAN, Honghai; CHIBBAR, Ravindra N.; SHARMA, P. R.; QURESHI, R. e TINKER, Nicholas A. (2016) Genome size variation in the genus *Avena*. *Genome*, v. 59, n. 3, p. 209-220. Disponível em: <https://doi.org/10.1139/gen-2015-0132>. Acesso em: 27 mar. 2025.

YAO, Eric; BLAKE, Vanessa C.; COOPER, Levi; WIGHT, Charlene P.; MICHEL, Stephan; CAGIRICI, Handan Boroglu; LAZO, Gerard R.; BIRKETT, Charlotte L.; WARING, David J.; JANNINK, Jean-Luc; HOLMES, Ian; WATERS, Amanda J.; EICKHOLT, David P. e SEN, Taner Z. (2022) GrainGenes: A Data-Rich Repository for Small Grains Genetics and Genomics. *Database*, v. 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/database/baac034>. Acesso em: 17 abr. 2025.

YOUNIS, A.; RAMZAN, F.; RAMZAN, Y.; ZULFIQAR, F.; AHSAN, M.; LIM, K. B. Molecular markers improve abiotic stress tolerance in crops: a review. *Plants*, v. 9, art. 1374, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/plants9101374>. Acesso em: 10 abr. 2025.

YU, Ying; HOU, Wanwan; LIU, Yuting; ZHANG, Rui; XU, Joshua; QIAN, Feng; SHI, Leming e ZHENG, Yuanting (2024) Quartet RNA reference materials improve the quality of transcriptomic data through ratio-based profiling. *Nat Biotechnol* 42, 1118–1132. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41587-023-01867-9>. Acesso em: 9 set. 2024

YUAN, Xing; WANG, Yumiao; JI, Peng; WU, Peili; SHEFFIELD, Justin e OTKIN, Jason A. (2023) A global transition to flash droughts under climate change. *Science*, v. 380, p. 187-191. Disponível em: <https://doi.org/10.1126/science.abn6301>. Acesso em: 9 set. 2024.

ZHANG, Huiming; ZHU, Jianhua; GONG, Zhizhong e ZHU, Jian-Kang (2022a) Abiotic stress responses in plants. *Nature Reviews Genetics*, v. 23, p. 104–119.

Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41576-021-00413-0>. Acesso em: 10 jan. 2025.

ZHANG, Xingxing; LIU, Wei; LV, Yu; BAI, Jing; LI, Tong; YANG, Xiuying; LIU, Lixia e ZHOU, Huilian (2022b) Comparative transcriptomics reveals new insights into melatonin-enhanced drought tolerance in naked oat seedlings. *PeerJ*, v. 10. Disponível em: <https://doi.org/10.7717/peerj.13669>. Acesso em: 1 mar. 2025.

ZHENG, Lirong; ZHANG, Qi; WANG, Chao; WANG, Zheng; GAO, Jinbao; ZHANG, Rui; SHI, Yu; ZHENG, Xinguo. The heat shock factor HSFB1 coordinates plant growth and drought tolerance in *Arabidopsis*. *Plant J.*, v. 121, n. 3, p. e17258, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/tpj.17258>. Acesso em: 16 de julho de 2025.

ZHAO, Baoping e MA, Bao-Luo (2021) Source–Sink Adjustment: A Mechanistic Understanding of the Timing and Severity of Drought Stress on Photosynthesis and Grain Yields of Two Contrasting Oat (*Avena sativa* L.) Genotypes. *Journal of Plant Growth Regulation*, v. 40, p. 263–276. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s00344-020-10093-5>. Acesso em: 1 fev. 2025.

ZHAO, Bo; SHAO, Zhengyao; WANG, Likai; ZHANG, Fan; CHAKRAVARTY, Daveraj; ZONG, Wei; DONG, Juan; SONG, Liang; QIAO, Hong. MYB44-ENAP1/2 restricts HDT4 to regulate drought tolerance in *Arabidopsis*. *PLOS Genetics*, v. 18, n. 11, p. e1010473, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1010473>. Acesso em: 16 de julho de 2025.

ZHAO, Hongbo; MA, Hongli; YU, Liang; WANG, Xin; ZHAO, Junzhe. Genome-wide survey and expression analysis of amino acid transporter gene family in rice (*Oryza sativa* L.). *PLoS One*, v. 7, n. 11, p. e49210, 2012. Disponível em: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0049210>. Acesso em: 16 de julho de 2025.

ZHAO, Pei; XU, Yuewei; CHEN, Wei; SANG, Xiaohui; ZHAO, Yunlei; WANG, Hongmei. A bZIP transcription factor GhVIP1 increased drought tolerance in upland cotton. *J Cotton Res*, v. 6, p. 11, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s42397-023-00148-9>. Acesso em: 16 de julho de 2025.

ZHOU, Xin; JELLEN, Eric N. e MURPHY, J. Perry (2019) Domestication and genetic diversity of oats (*Avena* spp.). *Genetic Resources and Crop Evolution*, v. 66, n. 4, p. 825-839. Acesso em: 8 fev. 2025.

ZHU, Li; OW, David W. e DONG, Zhao (2018) Transfer RNA-derived small RNAs in plants. *Science China Life Sciences*, v. 61, p. 155–161. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s11427-017-9167-5>. Acesso em: 30 mar. 2025.