

## ARQUIVO X: QUIMERA GÊNICA TRANSCRITA EM PLANTA DO CLADO X DA FAMÍLIA SAPINDACEAE, O GUARANAZEIRO

Paula Cristina da Silva ANGELO<sup>1\*</sup>, Ana Yamaguishi CIAMPI<sup>2</sup>, Gilvan Ferreira SILVA<sup>1</sup>,  
Jorge Ivan Rebelo PORTO<sup>3</sup>, Spartaco ASTOLFI-FILHO<sup>4</sup>, André Luiz ATROCH<sup>1</sup>

O guaranazeiro [*Paullinia cupana* (Kunth) var. *sorbilis* (Mart.) Ducke] tem 210 cromossomas e é um aloploplóide, incluído no clado X/tribo Paullinae, da família Sapindaceae. Dez *loci* de microssatélites foram testados e validados quanto à amplificação, polimorfismo e reprodutibilidade para a distinção de cultivares desta espécie. Um destes *loci*, o GRN07, comporta um bloco de repetições (TA)<sub>16</sub> surpreendentemente inserido entre duas ORFs, no contig 660 do banco de ESTs de frutos com sementes do guaranazeiro (<https://helix.biomol.unb.br/GR/>). A primeira das duas ORFs codifica um polipeptídeo deduzido com 180 aminoácidos e é homóloga a *MOTHER OF FLOWERING LOCUS T AND TFL1 (MFT)* em *Fragaria vesca*, com E<sup>-value</sup> igual a  $2 \times e^{-89}$ . O transcrito deste *MFT* é completo: tem região 5' não traduzida (5'-UTR), quatro possíveis exons, motivos conservados e aminoácidos essenciais para a atividade da proteína preservados em posições comparáveis às do homólogo em *Arabidopsis thaliana*. A proteína *mft* é um fator de transcrição expresso em sementes que pode interferir com o tempo necessário para a germinação. Na região 3'-UTR de *MFT* está o bloco de repetições (TA). Esta região não traduzida funde-se, em algum ponto, com um intron do gene *FLOWERING LOCUS T (FT OU FLT)*, porque a segunda ORF do mesmo contig 660 codifica um peptídeo deduzido com 80 aminoácidos e é homóloga ao quarto e último exon do gene *FT* em *A. thaliana* (E<sup>-value</sup> =  $9 \times e^{-40}$ ). *Ft* faz parte do complexo de transcrição que integra os fatores determinantes do tempo necessário para o florescimento. Em *A. thaliana*, o primeiro e o quarto exons do *MFT* e do *FT*, respectivamente, apresentam mais de 50% de nucleotídeos idênticos em sentidos de leitura contrários e os genes estão, ambos, localizados no cromossoma 1. A identidade, além de elementos repetitivos presentes nos exons e introns e de motivos conservados na região traduzida parecem ter sido preservados no guaranazeiro, porque a primeira (*MFT*) e a segunda (*FT*) ORFs têm 27% de identidade. Isto pode ter contribuído para um alinhamento defeutivo entre dois dos muitos cromossomas homólogos e/ou homeólogos em que estão localizados os genes *MFT* e *FT* no guaranazeiro. A recombinação desigual entre os dois genes, com a perda dos sites de *splicing* pode ter causado a formação da quimera em que parte do intron de *FT* foi preservada no transcrito maduro quimérico representado no contig 660.

**Palavras-chave:** *Paullinia cupana* var. *sorbilis*, Floresta Amazônica, Guaraná, Florescimento, Germinação.

Financiamento: FAPEAM (projeto 924/03) e Embrapa (projeto no. 02.02.4.03.00.00).

<sup>1</sup> Pesquisadores Doutores, Embrapa Amazônia Ocidental, Rod. AM 010, km 29, s/no, CP 319. CEP: 69010-970, Manaus - AM, Brasil.

<sup>2</sup> Pesquisadora Doutora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Parque Estação Biológica - PqEB - Av. W5 Norte (final). CP 02372. CEP: 70770-917, Brasília - DF, Brasil.

<sup>3</sup> Pesquisador Doutor, INPA/NAPPA-Santarém, Rua 24 de outubro, 3389 - Salé. CEP: 68040-010. Santarém - PA, Brasil.

<sup>4</sup> Professor Doutor, Programa PPGBIOTEC, Centro de Apoio Multidisciplinar - CAM, UFAM, Av. General Rodrigo Octávio, 6200, Coroado I. CEP: 69077-000, Manaus - AM, Brasil.

\*paula.angelo@embrapa.br - autora para correspondência