

Caracterização funcional de genes associados com o tempo de floração em macieira

Tiago Sartor^{1,2}, Giancarlo Pasquali¹, Luís Fernando Revers²

A macieira é uma árvore de clima temperado pertencente à família Rosaceae. Árvores de macieira entram em um período de dormência durante o inverno, o que garante a sobrevivência dessas plantas frente a temperaturas abaixo de zero e permite à planta retomar o crescimento vegetativo e reprodutivo na primavera. A indução, progressão e liberação da dormência é dependente de temperaturas abaixo de 7,2°C e é regulada por um mecanismo molecular endógeno de gemas. Em estudos anteriores do Laboratório de Genética Molecular Vegetal, foi identificado um importante QTL no cromossomo 9 de macieira que explica mais de 50% da variação fenotípica observada para o tempo de floração. Dois genes candidatos, *MdFLC-like* e *MdPRE1*, foram localizados dentro do intervalo de confiança deste QTL. Na planta modelo *Arabidopsis thaliana*, *FLC* e *PRE1* estão envolvidos no processo de floração e crescimento, respectivamente, o que reforça um possível papel de *MdFLC-like* e *MdPRE1* na regulação do tempo de floração em macieira. No presente estudo, está sendo investigado o papel dos genes *MdFLC-like* e *MdPRE1* na progressão e liberação da dormência em gemas de macieira. A sequência e a estrutura dos genes foram confirmados através do sequenciamento de produtos de amplificação de RACE. Iniciadores de DNA específicos foram desenhados para clonagem do CDS dos genes em pENTR™/D-TOPO® (Invitrogen™) e no vetor de superexpressão pH7WG2D, o qual será utilizado para ensaios de complementação de fenótipo em mutantes de *A. thaliana* e transformação de discos foliares de macieira. Além disso, será realizada uma análise de *ChIP-seq* para identificação de alvos moleculares de *MdFLC-like*. Gemas de macieira serão amostradas no inverno de 2016 e incubadas em B.O.D. a 3°C até o acúmulo de 1.200 horas de frio. Essas gemas serão fixadas em paraformaldeído, trituradas em N₂ líquido e enviadas para análise de *ChIP-seq* (Zymo Research Irvine, CA, USA). Os dados serão analisados através de métodos de bioinformática e alvos serão selecionados para confirmação via ChIP-PCR.

¹ Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e Molecular, Centro de Biotecnologia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, 91501-970. E-mail: thiago.sartor@outlook.com

² Laboratório de Genética Molecular Vegetal, Centro Nacional de Pesquisa de Uva e Vinho, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Bento Gonçalves, RS, 95700-000. E-mail: luis.revers@embrapa.br