

Caracterização funcional de genes associados com o tempo de brotação em macieiras

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

Árvores de macieira entram em um período de dormência durante o inverno, o que garante a sobrevivência dessas plantas frente a baixas temperaturas e permite à planta retomar o desenvolvimento vegetativo e reprodutivo na primavera. Em estudos preliminares, foi identificado um importante QTL no cromossomo 9 de macieira que explica mais de 50% da variação fenotípica observada para o tempo de brotação. Três genes candidatos, *MdICE1*, *MdFLC-like* e *MdPRE1*, foram localizados dentro do intervalo de confiança deste QTL. Na planta modelo *Arabidopsis thaliana*, *ICE1*, *FLC* e *PRE1* estão envolvidos no processo de resposta ao frio, floração e crescimento, respectivamente, o que reforça um possível papel de *MdICE1*, *MdFLC-like* e *MdPRE1* na regulação da dormência e brotação em macieira. No presente estudo, está sendo investigado o papel dos genes *MdICE1*, *MdFLC-like* e *MdPRE1* na progressão e liberação da dormência em gemas de macieira. Iniciadores específicos foram desenhados para clonagem 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. Gemas de macieira foram amostradas no inverno de 2016 e incubadas em B.O.D. a 3°C até o acúmulo de 1.400 horas de frio, seguido de um tratamento de calor. Nessas gemas, foram analisados os perfis transcricionais dos genes-alvo deste estudo, bem como o percentual de brotação das gemas ao longo da exposição ao frio. Está sendo conduzido um ensaio de ChIP-seq para identificação de alvos moleculares de *MdFLC-like*. Os dados serão analisados através de métodos de bioinformática e alvos serão selecionados para confirmação via ChIP-PCR e ensaios de transativação em protoplastos. A caracterização e estudo das funções desses genes candidatos permitiu a elaboração de um modelo hipotético de controle da dormência em macieira.

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: tiago.sartor@outlook.com

² Laboratório de Genética Molecular Vegetal, Embrapa Uva e Vinho, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Bento Gonçalves, RS, 95701-008