



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2014: SIC - XXVI SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2014
<b>Local</b>	Porto Alegre
<b>Título</b>	Caracterização da importância dos genes OsCel9D e SHAT1 para a regulação do degrane em arroz vermelho.
<b>Autor</b>	CÁTIA MENEGUZZI
<b>Orientador</b>	ALDO MEROTTO JUNIOR

O degrane é uma característica adaptativa que contribui para a perpetuação do arroz vermelho possibilitando a dispersão das sementes diminuindo a retirada das mesmas no momento da colheita. Ainda, o degrane é importante para a evolução do arroz sendo um dos principais caracteres alterados na domesticação desta espécie. Estudos anteriores realizados em nosso laboratório em relação à genes envolvidos na biossíntese de parede celular indicaram que o gene *OsCel9D* pode estar envolvido na regulação do degrane. Ainda, o gene *SHAT 1* foi recentemente caracterizado como importante na regulação desta característica em arroz cultivado. A regulação do degrane em arroz vermelho é pouco conhecida, mas é importante para a definição de estratégias de biotecnologia que resultem na mitigação desta planta daninha. O objetivo deste trabalho foi avaliar a composição nucleotídica e expressão dos genes *OsCel9D* e *SHAT1* como forma de compor os conhecimentos de regulação do degrane em arroz vermelho. O material vegetal constituiu de nove cultivares de arroz (Cica 08, Batatais, EEI 23, EEI 31, Empasc 100, Epagri 109, IRGA 417, Lacassine, Nipponbare), sete ecótipos de arroz vermelho (AV 04, AV 31, AV 53, AV 60, AV 109, AV 172 e AV 503) e da espécie *O. glaberrima*. Inicialmente as sementes foram submetidas a condições ideais para o processo de germinação, quando apresentavam radícula maior que 1 mm foi realizado o transplante para tanques contendo solo. O estudo da expressão foi realizado na região de ligação da flor com o pedicelo. O material coletado consistiu de aproximadamente 1 mm da região do pedicelo e de 1,5 mm da região da flor. A definição desta região foi determinada em função de trabalhos da literatura que determinaram a expressão de genes na zona de abscisão que corresponde a esta estrutura anatômica. As panículas foram marcadas com uma fita no dia em que ocorreu a antese na parte mediana da panícula, dez dias após foi realizada a coleta do material através do corte da estrutura desejada. Imediatamente após o corte, o material vegetal foi depositado em nitrogênio líquido. Em cada panícula foram coletadas 30 junções pedicelo-flor da parte mediana da panícula, equivalente a 30 mg de material vegetal, que correspondeu a uma repetição. Cada genótipo contou com três repetições. A extração do RNA foi realizada pelo método Trizol. A quantificação relativa foi realizada pelo ajuste das curvas pela análise da eficiência da PCR através do software LinRegPCR. Os resultados indicaram que o gene *OsCel9D* apresentou menor expressão nos ecótipos de arroz vermelho, os quais demonstraram alto degrane. Alternativamente, este gene apresentou maior expressão nas cultivares de arroz que apresentam médio ou baixo degrane. Estes resultados indicam que o gene *OsCel9D* está relacionado à repressão da característica de degrane em *O. sativa*. O estudo da composição nucleotídica dos genes *SHAT1* e *OsCel9D* foi iniciado pela avaliação de 24 primers através de reações de PCR convencional. Os primers avaliados amplificaram as regiões dos genes em estudo. Portanto, os primers utilizados nas reações de PCR se mostraram capazes de amplificar as regiões dos genes *OsCel9D* e *SHAT 1*. O gene *OsCel9D* apresenta relação com a repressão da característica do degrane em arroz vermelho.