



SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA  
XXVIII SIC

paz no plural



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2016: SIC - XXVIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2016
<b>Local</b>	Campus do Vale - UFRGS
<b>Título</b>	Identificação e caracterização molecular do gene APETALA2 em aveia hexaploide
<b>Autor</b>	ELISANDRA MARIA PRADELLA
<b>Orientador</b>	ITAMAR CRISTIANO NAVA

**Título:** Identificação e caracterização molecular do gene *APETALA2* em aveia hexaploide

**Autora:** Elisandra Maria Pradella

**Orientador:** Itamar Cristiano Nava

**Instituição de ensino:** Universidade Federal do Rio Grande do Sul

A formação de espiguetas multiflora em aveia é caracterizada pelo desenvolvimento de espiguetas indeterminadas, com quatro a doze flósculos férteis e ráquila alongada. Este caráter está diretamente associado à produção de grãos sem casca (nuda) em aveia. O gene *APETALA2* (*AP2*) que compõe o modelo “ABCDE” de florescimento está envolvido na formação de espiguetas multiflora em espécies como trigo e cevada, sendo um candidato ao controle da expressão deste caráter em aveia. Os objetivos deste trabalho foram identificar, clonar e caracterizar sequências de nucleotídeos associadas ao gene *AP2* em aveia. Os estudos foram conduzidos no Laboratório de Biologia Molecular do Departamento de Plantas de Lavoura, na Faculdade de Agronomia da Universidade Federal do Rio Grande do Sul. O DNA dos genótipos contrastantes para o caráter espiguetas multiflora, URS Taura e UFRGS 017004-2, foi isolado e purificado. Oligonucleotídeos iniciadores (*primers*) foram desenvolvidos a partir do alinhamento múltiplo de sequências do gene *AP2* de diferentes espécies de gramíneas. Os *primers* foram empregados na etapa de amplificação do gene, em cada um dos genótipos de aveia analisados. Os produtos da amplificação de DNA com tamanho esperado para cada combinação de *primers* foram clonados e sequenciados. As sequências de nucleotídeos obtidas foram comparadas com sequências de nucleotídeos disponíveis no banco público de dados moleculares, GenBank, através da ferramenta BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*). No presente estudo, duas sequências candidatas ao gene *AP2* em aveia foram identificadas nos genótipos URS Taura e UFRGS 017004-2. Estas sequências possuem aproximadamente 930 pares de base e apresentam similaridade com a sequência do gene *AP2* de *Brachypodium distachyon*, trigo (*Triticum aestivum* L.) e cevada (*Hordeum vulgare* L.). Polimorfismos genéticos do tipo SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) foram identificados entre as sequências isoladas. Estes polimorfismos podem estar associados à determinação do caráter espiguetas multiflora em aveia. Considerando que grande parte dos genes da família AP2 são regulados de forma pós-transcricional pelo *microRNA172* (*miR172*) em gramíneas, uma das sequências de nucleotídeos identificadas em aveia foi convertida para RNA mensageiro (mRNA) e alinhada com a sequência do gene *miR172a* de *B. distachyon*, disponível no banco público de dados, miRBase. Os resultados deste alinhamento indicaram a existência de um possível sítio de ligação do gene *miR172a* na sequência de aveia analisada. Este estudo foi pioneiro na identificação de sequências do gene *AP2* em aveia hexaploide. Futuros estudos explorando linhagens de aveia derivadas do cruzamento entre os genitores URS Taura e UFRGS 017004-2 permitirão o mapeamento molecular do gene *AP2*, bem como comprovar o seu envolvimento na determinação do caráter espiguetas multiflora em aveia.