



Evento	Salão UFRGS 2018: SIC - XXX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2018
Local	Campus do Vale - UFRGS
Título	Florescimento em aveia: caracterização fenotípica, genética e molecular
Autor	FELIPE AUGUSTO KRAUSE
Orientador	ITAMAR CRISTIANO NAVA

Florescimento em aveia: caracterização fenotípica, genética e molecular

Felipe Augusto Krause, Itamar Cristiano Nava
Universidade Federal do Rio Grande do Sul

A aveia hexaploide (*Avena sativa* L.) é cultivada principalmente em regiões temperadas e subtropicais ao redor do mundo. A adaptação da aveia está associada à ocorrência do florescimento em condições ambientais adequadas ao desenvolvimento reprodutivo. Os mecanismos genéticos e moleculares envolvidos na transição do estágio vegetativo para o reprodutivo ainda não foram completamente elucidados em aveia. Os objetivos deste trabalho foram caracterizar fenotipicamente uma população de linhagens de aveia, estimar o número de genes envolvidos no controle do caráter florescimento e clonar, sequenciar e caracterizar regiões codificantes do gene *ELF3* (*EARLY FLOWERING 3*). O florescimento foi avaliado em uma população de 376 linhagens derivadas do cruzamento ‘URS Taura (florescimento precoce) x Leggett (florescimento super-tardio)’. A semeadura foi realizada no dia 27 de junho de 2017, na Estação Experimental Agrônômica da UFRGS. Cada unidade experimental foi constituída por 15 sementes, distribuídas em uma linha de um metro de comprimento e espaçadas em 0,3 m entre si. A data do florescimento foi atribuída quando 50% das plantas de cada genótipo apresentavam 50% da panícula exposta (escala 55 de Zadok). Para a análise genética, as linhagens foram agrupadas em quatro classes fenotípicas: super-precoce, precoce, tardio e super-tardio. Hipóteses foram testadas para estimar o número de genes que controlam o florescimento nesta população genética. Um par de *primers* obtido a partir do alinhamento múltiplo de sequências foi utilizado para amplificar um fragmento do gene *ELF3* nos genótipos de aveia UFRGS 078030-1 e Leggett. O genitor URS Taura floresceu aos 66 dias após a emergência, enquanto o genitor Leggett floresceu aos 119 dias. Entre as linhagens avaliadas, uma grande variação fenotípica foi observada para o caráter florescimento, com média de 84 dias após a emergência. O genótipo mais precoce floresceu aos 64 dias e o mais tardio aos 124 dias após a emergência. Uma distribuição de frequências contínua foi observada, sugerindo que o caráter florescimento apresenta herança poligênica. A hipótese genética de 5 genes controlando o caráter florescimento foi a que melhor se ajustou às frequências observadas, com valor calculado de Qui-quadrado igual a 4,13 ($p=0,25$). Quatro sequências parciais do gene *ELF3*, com tamanho esperado de 668 pares de bases, foram obtidas nos genótipos UFRGS 078030-1 e Leggett. Duas sequências do gene foram obtidas para cada um dos genótipos, as quais foram denominadas de “a” e “b”. Estas sequências devem representar variações do gene nos diferentes subgenomas da aveia. Ao comparar as sequências “a” e “b” entre os genótipos, 16 e 15 SNPs (*Single Nucleotide Polymorphisms*) foram identificados, respectivamente. Dos SNPs observados entre as sequências “a”, o SNP localizado na posição 194 alterou a sequência de aminoácidos do polipeptídeo. A base nitrogenada adenina localizada na posição 194 do genótipo Leggett faz parte do códon AGG, o qual especifica a incorporação do aminoácido arginina (R) ao polipeptídeo sintetizado. Nesta mesma posição, a presença da base nitrogenada guanina no genótipo UFRGS 078030-1 faz parte do códon GGG, especificando a incorporação do aminoácido glicina (G) ao polipeptídeo sintetizado. Já quando as sequências “b” foram analisadas, seis alterações na sequência de aminoácidos incorporados ao polipeptídeo foram observadas. Essas alterações podem estar associadas à variação fenotípica observada entre as linhagens avaliadas para o caráter florescimento. A elucidação dos mecanismos genéticos e moleculares envolvidos no florescimento em aveia poderá auxiliar no desenvolvimento de genótipos adaptados a diferentes ambientes de cultivo.