



Evento	Salão UFRGS 2018: SIC - XXX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2018
Local	Campus do Vale - UFRGS
Título	Interação entre membros da família bHLH relacionados ao desenvolvimento de grãos em arroz
Autor	JOÃO LUIZ DE MEIRELLES
Orientador	MARCIA MARIA A NACHENVENG P MARGIS

Interação entre membros da família bHLH relacionados ao desenvolvimento de grãos em arroz

**João Luiz de Meirelles
Marcia Pinheiro Margis
Universidade Federal do Rio Grande do Sul**

Resumo:

O arroz (*Oryza sativa* L.) pertence à família das gramíneas, na qual estão incluídos milho, trigo, cevada e cana-de-açúcar. A identificação e o estudo de genes de arroz, planta modelo para este grupo, podem fornecer informações válidas na investigação de características e regiões genômicas de interesse, o que pode resultar em melhoramento em nível agrônomico destas espécies. Os fatores de transcrição bHLH (*basic Helix-Loop Helix*) formam a maior família de fatores de transcrição em plantas, com 167 genes identificados em arroz. Entre suas funções estão a diferenciação epidérmica, sinalização de resposta a hormônios e fatores ambientais. Além disso, estes fatores são capazes de formar homo e heterodímeros, ampliando a rede regulatória que envolve estas proteínas. Dentre estes, a proteína bHLH35 foi identificada através de ensaio de microarranjo como sendo um gene responsivo ao acúmulo de peróxido de hidrogênio, o que indica a relevância desta proteína na sinalização de vias responsivas ao metabolismo redox. A fim de caracterizar o fator de transcrição bHLH35 em arroz, plantas superexpressando este gene foram geradas pelo nosso grupo de pesquisa. Estas plantas apresentaram grande número de flores não fecundadas, fenótipo de pálea e lema abertas e atraso no desenvolvimento das sementes. Ao consultar a literatura observou-se que outros fatores de transcrição da família bHLH já haviam sido relatados como importantes para o processo de formação floral no arroz, dentre eles bHLH142, UDT1 (*Undeveloped Tapetum1*) e TDR (*Tapetum Degeneration Retardation*). O fator de transcrição bHLH142 atua na regulação da diferenciação e degeneração do tapete durante o desenvolvimento da antera. Já UDT1 é necessário para a diferenciação de células parietais secundárias e TDR tem papel crítico na formação da parede de pólen. A fim de entender como estes fatores de transcrição atuam na regulação do desenvolvimento floral, o objetivo deste projeto é testar a formação de homo e heterodímeros entre bHLH35 e as proteínas bHLH142, UDT1 e TDR por meio do ensaio de complementação biomolecular de fluorescência (BiFC) em protoplastos de *Arabidopsis thaliana*. Para tal, as sequências codificadoras dos genes bHLH35, bHLH142, UDT1 e TDR deverão ser clonadas em vetores da série pSAT, próprios para a realização do ensaio de BiFC. Após inúmeras tentativas, não foi possível amplificar a sequência codificadora dos genes bHLH142, UDT1 e TDR. Análises *in silico* mostram que estes genes são expressos apenas em fases e tecidos muito específicos, o que dificulta a amplificação das sequências a partir de amostras de cDNA. Assim, amostras de DNA genômico foram utilizadas como molde para as reações, por meio das quais foi possível amplificar as sequências gênicas de UDT1 e TDR. Como perspectivas, finalizaremos as amplificações das sequências e realizaremos as clonagens nos vetores apropriados, para que seja possível a realização do ensaio de BiFC.