

# Identificação e caracterização molecular do gene *APETALA2* em aveia hexaploide

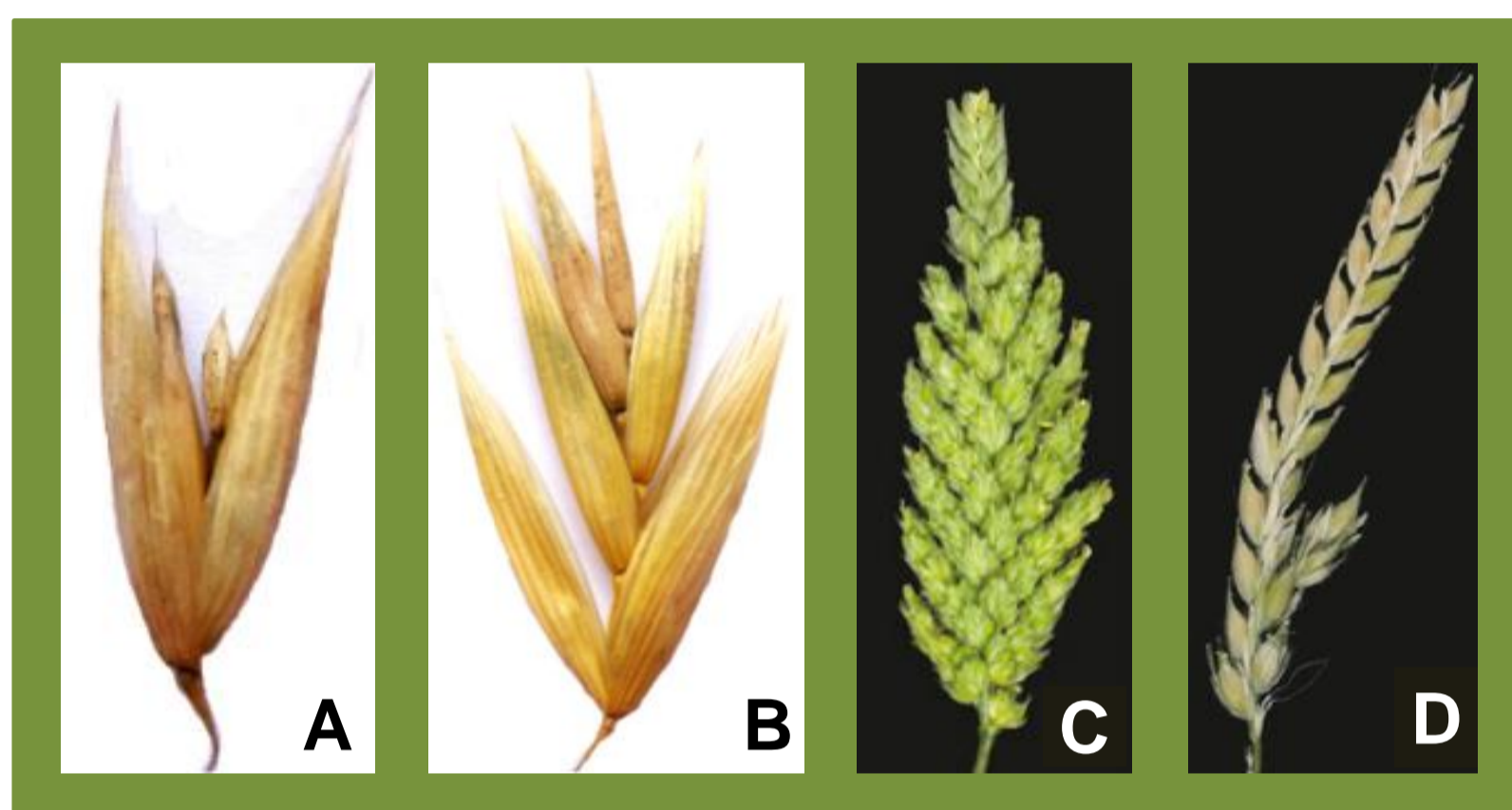
Elisandra Maria Pradella<sup>1</sup>, Itamar Cristiano Nava<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Autor. Departamento de Plantas de Lavoura, Faculdade de Agronomia – UFRGS. Email: elisandra.pradella@ufrgs.br

<sup>2</sup> Orientador. Departamento de Plantas de Lavoura, Faculdade de Agronomia – UFRGS. Email: itamar.nava@ufrgs.br

## Introdução

A formação de espiguetas multiflora em aveia é caracterizada pelo desenvolvimento de espiguetas indeterminadas, que variam de quatro a doze flósculos férteis e ráquila alongada. Este caráter está diretamente associado à produção de grãos sem casca em aveia nuda (*Avena sativa* L. subsp. *nudisativa*). O gene *APETALA2* (*AP2*) que compõe o modelo “ABCDE” do florescimento está envolvido na formação de espiguetas multiflora em espécies como trigo (*Triticum aestivum* L.) e cevada (*Hordeum vulgare* L.), sendo um candidato ao controle da expressão deste caráter em aveia nuda (Figura 1).



**Figura 1.** A) Espiguetas normal de aveia (*Avena sativa* L.); B) Espiguetas multiflora de aveia nuda; C) Espiguetas multiflora em trigo e D) Espiguetas multiflora em cevada. Adaptado de Poursarebani et al. (2015).

## Objetivos

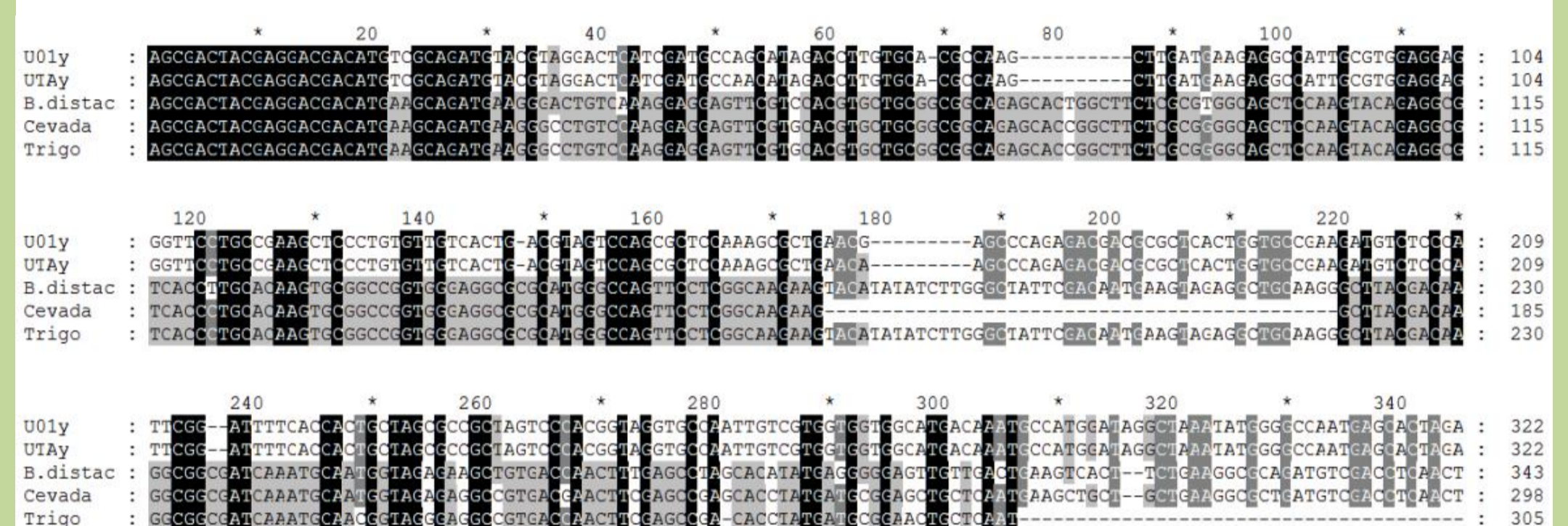
Os objetivos deste trabalho foram identificar, clonar e caracterizar sequências codificantes de aveia candidatas ao gene *APETALA 2*.

## Material e métodos

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, nos 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*).

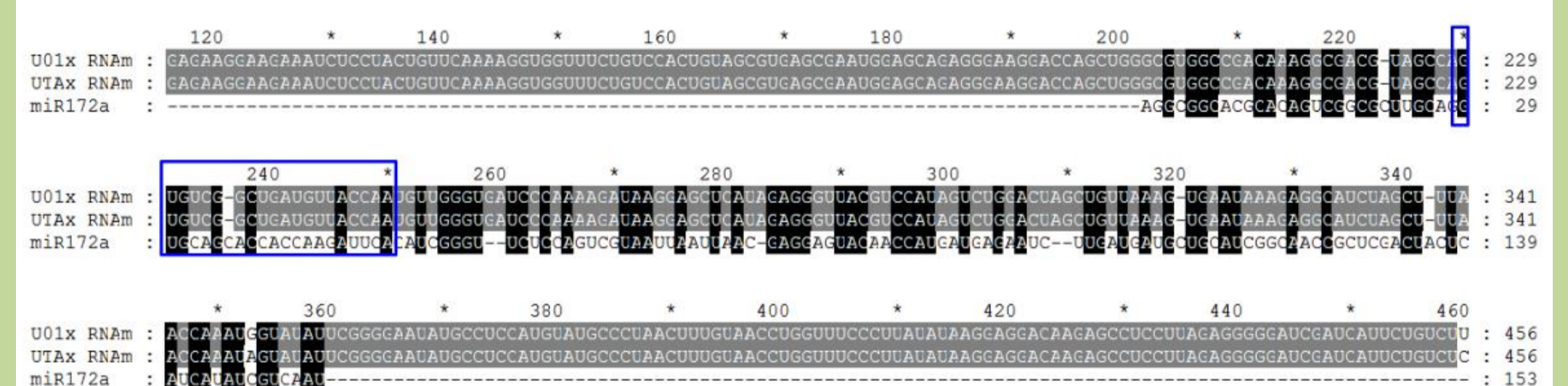
## Resultados

Sequências com aproximadamente 930 nucleotídeos foram isoladas nos genótipos URS Taura e UFRGS 017004-2. O alinhamento destas sequências de aveia demonstrou a presença de mutações de ponto em regiões codificantes do gene, sugerindo que as mesmas podem ser responsáveis pela determinação de espiguetas normais no genótipo URS Taura e espiguetas multiflora no genótipo UFRGS 017004-2. A análise de BLAST revelou elevada similaridade destas sequências com sequências do gene *AP2* de *Brachypodium distachyon*, trigo e cevada (Figura 2).



**Figura 2.** Região de maior similaridade entre as sequências “y” de URS Taura (UTAY) e UFRGS 017004-2 (U01y), *B. distachyon* (*B. distac*), cevada e trigo. Regiões marcadas em preto e em cinza indicam conservação entre as sequências.

Estudos recentes demonstraram que genes da família *AP2* são regulados de forma pós-transcricional pelo microRNA172 (*miR172*) em gramíneas. Sequências de nucleotídeos identificadas em aveia hexaploide foram convertidas para RNA mensageiro (mRNA) e alinhadas 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 sítio de ligação do gene *mir172a* nas sequências analisadas de aveia hexaploide (Figura 3).



**Figura 3.** Alinhamento de sequências de aveia (convertidas para RNA mensageiro) e do *miR172a* de *B. distachyon*. Regiões marcadas em preto indicam conservação entre as sequências dos genitores URS Taura e UFRGS 017004-2 e a sequência transcrita do gene *miR172a*. Regiões marcadas em cinza indicam conservação entre as sequências de aveia. A região em azul representa o sítio de pareamento do *miR172a* em *B. distachyon* (em uma região exônica).

## Conclusão

Este estudo foi pioneiro na identificação de sequências candidatas ao gene *AP2* em aveia hexaploide. Estudos futuros permitirão validar o envolvimento destas sequências na determinação do caráter espiguetas multiflora e o mapeamento molecular deste gene no genoma da aveia.

## Agradecimentos

Ao estudante de Doutorado Cristiano Mathias Zimmer pelo apoio durante o desenvolvimento deste estudo. Ao CNPq e CAPES pela concessão da bolsa e recursos financeiros para o desenvolvimento do trabalho.