

INTRODUÇÃO

DEGRANE DE SEMENTES DE ARROZ VERMELHO

➤ Contribui para a perpetuação do arroz vermelho

↳ Possibilita a dispersão das sementes diminuindo sua retirada da lavoura no momento da colheita

Gene *OsCel9D*

- Envolvido na biossíntese de parede celular
- Pode estar envolvido na regulação do degrane

Gene *SHAT 1*

- Caracterizado como importante na regulação do degrane em arroz cultivado *O. sativa*.

OBJETIVO

Avaliar a composição nucleotídica e expressão dos genes *OsCel9D* e *SHAT1* como forma de compor os conhecimentos de regulação do degrane em arroz vermelho.

MATERIAL E MÉTODOS

ESTUDO DO GENE *OsCel9D*

❑ Genótipos :

- 9 Cultivares de arroz;
- 7 Ecótipos de arroz vermelho;
- Espécie *O. glaberrima*.

❑ Coleta do material vegetal:

- 10 dias após antese - coleta do material através do corte de aproximadamente 1 mm da região do pedicelo e de 1,5 mm da região da flor)

❑ Análise da expressão gênica:

- RT-PCR em tempo real;
- Extração da RNA: método Trizol.

Teste de Primers para o gene *OsCel9D*

❑ Genótipos : AV 60 e IRGA 417

❑ Extração DNA: Método CTAB

❑ PCR convencional: teste de 9 pares de primers.

ESTUDO DO GENE *SHAT 1* (Teste de primers)

❑ Genótipos : AV 60 e IRGA 417

❑ Extração DNA: Método CTAB

❑ PCR convencional: teste de 15 pares de primers.

RESULTADOS

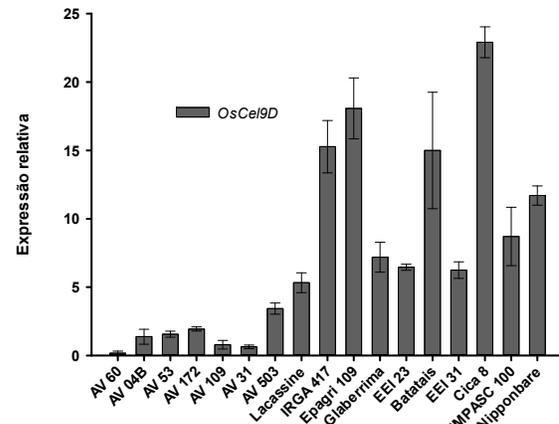


Figura 1. Expressão relativa do gene *OsCel9D* em genótipos de arroz vermelho, cultivares de arroz e na espécie silvestre *O. glaberrima*, aos dez dias após a polinização. Médias e desvio padrão apresentados. Porto Alegre, RS. 2013

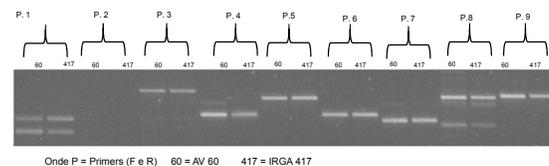


Figura 2. Relação dos primers testados para o gene *OsCel9D* na cultivar de arroz IRGA 417 no biótipo de arroz vermelho AV 60. Porto Alegre, RS. 2014

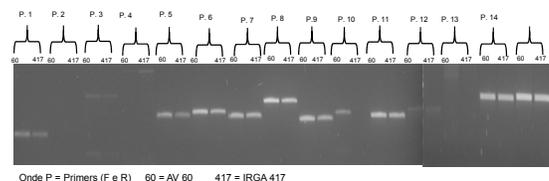


Figura 3. Relação dos primers testados para o gene *SHAT 1* na cultivar de arroz IRGA 417 no biótipo de arroz vermelho AV 60. Porto Alegre, RS. 2014

CONSIDERAÇÕES FINAIS

❑ O gene *OsCel9D* apresenta relação com a repressão da característica do degrane em arroz vermelho;

❑ A maioria dos primers utilizados nas reações de PCR se mostraram capazes de amplificar as regiões dos genes *OsCel9D* e *SHAT 1*.