

SALÃO DE
INICIAÇÃO CIENTÍFICA
XXIX SIC

UFRGS
PROPESQ



múltipla 
UNIVERSIDADE
inovadora  inspiradora

Evento	Salão UFRGS 2017: SIC - XXIX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2017
Local	Campus do Vale
Título	Avaliação fenotípica e molecular do caráter florescimento em aveia
Autor	FELIPE AUGUSTO KRAUSE
Orientador	ITAMAR CRISTIANO NAVA

Avaliação fenotípica e molecular do caráter florescimento em aveia

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

A aveia (*Avena sativa* L.) é uma espécie cultivada preferencialmente em regiões de clima temperado e subtropical, como no Sul do Brasil. A transição do estágio vegetativo para o estágio reprodutivo é um processo decisivo para o sucesso adaptativo das plantas, devendo ocorrer em condições ambientais favoráveis. A elucidação dos mecanismos genéticos e moleculares envolvidos na regulação do florescimento em aveia poderá auxiliar os programas de melhoramento no desenvolvimento de cultivares mais adaptadas e produtivas. Os objetivos deste trabalho foram avaliar genótipos de aveia contrastantes para o caráter florescimento em diferentes épocas de semeadura e caracterizar o gene *Vernalization1* (*Vrn1*) no genótipo URS Taura. O número de dias da emergência ao florescimento (NDEF) foi avaliado nos genótipos UFRGS 8, URS Taura, UFRGS 078030-1, UFRGS 078030-2, Leggett e FL0206B-S-B-S1. O experimento foi conduzido no ano de 2016, em três épocas de semeadura: 28/06, 15/07 e 27/07. O delineamento experimental de blocos ao acaso, com três repetições foi utilizado. Cada unidade experimental foi constituída por uma cova, com espaçamento de 0,3 m entre si. A data do florescimento foi atribuída quando 50% das plantas de cada cova apresentaram 50% da panícula exposta. Um par de *primers* específico para o gene *Vrn1* e disponível na literatura foi utilizado para amplificar o gene na cultivar URS Taura. Posteriormente, o produto de amplificação (amplicon) com tamanho esperado foi clonado e sequenciado. As sequências de nucleotídeos obtidas foram caracterizadas e comparadas com as sequências de nucleotídeos dos genótipos de aveia UFRGS 8 (acesso HQ910521.1) e UFRGS 930605 (HQ910522.1) disponíveis no GenBank. Para as diferentes épocas de semeadura foi observada variabilidade fenotípica entre os genótipos avaliados para o caráter florescimento. Os genótipos UFRGS 078030-1, URSTaura, UFRGS 8 e UFRGS 078030-2 apresentaram diferença significativa para o NDEF entre as épocas de semeadura, com redução no NDEF em função da semeadura nas épocas 2 e 3. Os genótipos FL0206B-S-B-S1 e Leggett apresentaram diferença significativa para o NDEF entre a primeira e segunda época de semeadura, assim como, entre a primeira e a terceira época. Contudo, não houve diferença significativa entre a segunda e terceira época de semeadura. Duas sequências de nucleotídeos do gene *Vrn1*, o qual atua em uma das rotas de indução do florescimento em aveia em resposta à vernalização, foram identificadas no genótipo URS Taura, ambas com 422 pares de bases, abrangendo do terceiro ao quinto éxon do gene. Estas sequências, denominadas “a” e “b”, podem representar alelos do gene *Vrn1* de diferentes subgenomas da aveia. Uma elevada similaridade de nucleotídeos foi observada entre as sequências derivadas de URS Taura e também quando comparadas às sequências dos genótipos UFRGS 8 e UFRGS 930605 (com resposta à vernalização). A maior conservação entre as sequências foi observada nas regiões exônicas do gene. Dos 16 SNPs (*Single Nucleotide Polymorphisms*) identificados entre as sequências, apenas três foram localizados nos éxons. Para os genótipos avaliados quanto ao NDEF, os fatores ambientais que apresentaram maior influência na indução ao florescimento foram temperatura e/ou soma térmica nos genótipos UFRGS 8, URS Taura, UFRGS 078030-1 e UFRGS 078030-2, e fotoperíodo nos genótipos FL0206B-S-B-S1 e Leggett. Os genótipos URS Taura e UFRGS 8 apresentaram elevada similaridade de nucleotídeos ao genótipo UFRGS 930605 para o segmento clonado do gene *Vrn1*. Outros genes de regulação do florescimento devem estar associados à variabilidade fenotípica observada entre os genótipos estudados.