

# GENE *STOP1* EM AVEIA: COMPARAÇÃO COM SEQUÊNCIAS HOMÓLOGAS DE OUTRAS ESPÉCIES

Vanessa de Freitas Duarte<sup>1</sup>; Carla Andréa Delatorre<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Bolsista IC, Acadêmica da Faculdade de Agronomia/UFRGS – vfreitasd@live.com

<sup>2</sup> Eng. Agr., PhD, Professora Associada do Depto. De Plantas De Lavoura UFRGS - cadtorre@ufrgs.br

## INTRODUÇÃO

Gene *STOP1* (*Sensitive To Proton rhizotoxicity 1*):

- › Tolerância ao Al em plantas
- › Codifica um fator de transcrição tipo dedo de zinco, Cisteína-2/Histidina-2
- › Identificado em *Arabidopsis thaliana*

## OBJETIVOS

- › Análise comparativa da sequência parcial do gene *STOP1* já obtido em aveia (*Avena sativa*) com a sequência já identificada em outras espécies
- › Obtenção da sequência completa do gene em aveia

## MATERIAIS E MÉTODOS

Análise comparativa do gene:

- › Sequência parcial do gene já identificada nos genótipos UFRGS 17 e UFRGS 930598-6 de aveia
- › Banco de dados do NCBI/BLAST
- › Comparação da sequência parcial do gene em aveia com outras poáceas e duas espécies de outras famílias
- › Montagem de uma árvore filogenética

Obtenção da sequência completa do gene:

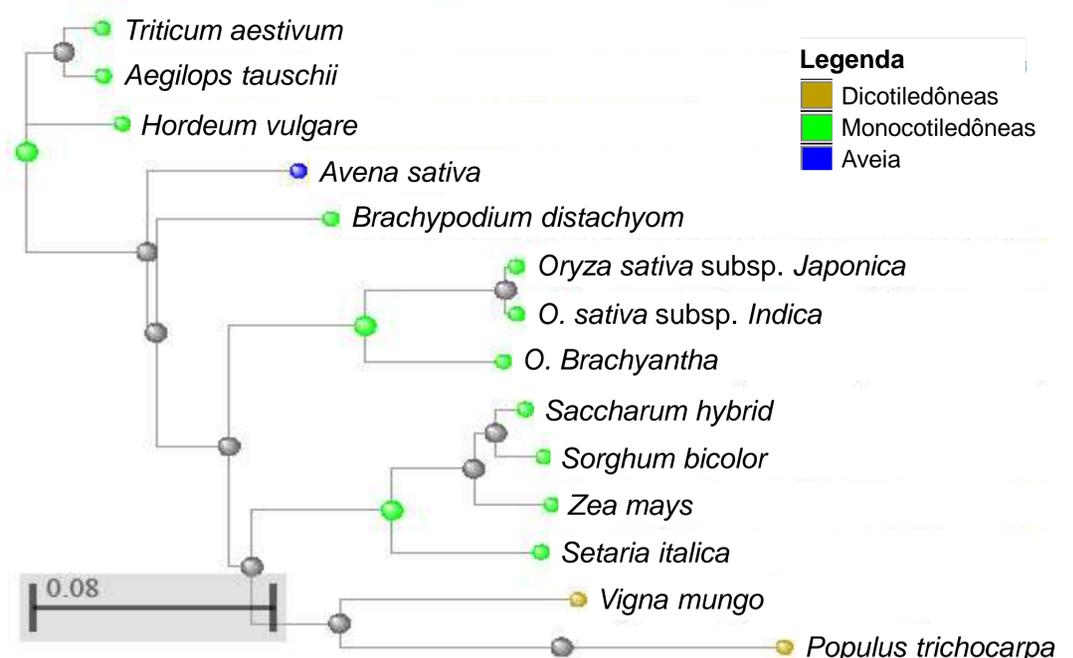
- › Crescimento de plântulas de UFRGS 17 e UFRGS 930598-6
- › Extração de RNA dos ápices radiculares
- › Purificação do RNA e obtenção de cDNA
- › Amplificação do cDNA e sequenciamento

## RESULTADOS

**Tabela 1.** Comparação da sequência parcial do gene *STOP1* de aveia com outras espécies.

Espécie	Score máx.	Score total	Coertura	Esperança	Identificação	Acesso
Trigo	1703	1703	99%	0.0	89%	KF034797.1
<i>Brachypodium</i>	1696	1696	98%	0.0	89%	XM_003564671.3
<i>Aegilops</i>	1681	1681	98%	0.0	89%	XM_020310970.1
Cevada	1653	1653	98%	0.0	89%	AK252406.1
Arroz (Japônica)	1258	1258	98%	0.0	83%	AP003235.2
Arroz (Indica)	1253	1253	98%	0.0	83%	CP018157.1
Arroz ( <i>Brachyantha</i> )	1247	1247	98%	0.0	83%	XM_006645023.2
Cana-de-açúcar	1142	1142	97%	0.0	82%	KF184941.1
Milho	1142	1142	97%	0.0	82%	EU964448.1
Sorgo	1120	1120	96%	0.0	82%	XM_021455988.1
<i>Setaria</i>	1070	1070	97%	0.0	81%	XM_004970672.2
<i>Vigna</i>	492	492	38%	1,00E-134	83%	KT693206.1
<i>Populus</i>	267	267	39%	8,00E-67	76%	XM_006376250.1

Fonte: GenBank – NCBI/BLAST



**Figura 1.** Árvore filogenética comparativa da distância genética entre a sequência parcial do *STOP1* de aveia com outras espécies.

## CONCLUSÕES

- › A sequência parcial do gene em aveia possui alta similaridade com as sequências gênicas de outras gramíneas de inverno, como trigo e cevada;
- › A sequência de aveia apresentou alta similaridade com o gene de *Brachypodium distachyon*, porém formou um grupo isolado na árvore filogenética, possivelmente por estar incompleta;
- › A obtenção da sequência completa do gene *STOP1* em aveia ainda está em andamento.