

Caracterização funcional de genes associados com o tempo de brotação em macieiraTiago Sartor^{1,2}, Amanda Cattani^{1,2}, Giancarlo Pasquali¹, Luis Fernando Revers^{1,2}

Árvores de macieira entram em um período de dormência durante o inverno, o que garante a sobrevivência dessas plantas frente a baixas temperaturas e permite a retomada do desenvolvimento vegetativo e reprodutivo na primavera. Em estudos preliminares, foi identificado um importante QTL no cromossomo 9 de macieira que explica mais de 50% da variação fenotípica observada para o tempo de brotação. Três genes candidatos, *MdICE1*, *MdFLC-like* e *MdPRE1*, foram localizados dentro do intervalo de confiança deste QTL. Na planta modelo *Arabidopsis thaliana*, *ICE1*, *FLC* e *PRE1* estão envolvidos no processo de resposta ao frio, floração e crescimento, respectivamente, o que reforça um possível papel de *MdICE1*, *MdFLC-like* e *MdPRE1* na regulação da dormência e brotação em macieira. No presente estudo, está sendo investigado o papel dos genes *MdICE1*, *MdFLC-like* e *MdPRE1* na progressão e superação da dormência em gemas de macieira. Oligonucleotídeos específicos foram projetados para clonagem dos genes em pENTR™/D-TOPO® (Invitrogen™) e no vetor de superexpressão pK7WG2D, o qual será utilizado para ensaios de complementação de fenótipo em plantas de *A. thaliana* e transformação de segmentos foliares de macieira. Gemas de macieira foram amostradas nos invernos de 2016 e 2017 e incubadas em B.O.D. a 3°C até o acúmulo de ~1500 horas de frio, seguido de um tratamento de calor a 25 °C. Nessas gemas, foram analisados os perfis transcricionais e a expressão espaço-temporal dos genes-alvo deste estudo, bem como o percentual de brotação das gemas ao longo da exposição ao frio. Um ensaio de ChIP-seq está sendo conduzido para identificação de alvos moleculares de *MdFLC-like*. Os dados serão analisados através de métodos de bioinformática e alvos serão selecionados para confirmação via ChIP-PCR. Além disso, ensaios de transativação em protoplastos serão realizados. Em um teste preliminar de transativação, foi possível verificar que a proteína MdFLC-like liga-se e reprime o gene *MdDAM1*. A caracterização e estudo das funções desses genes candidatos permitiu a elaboração de um modelo hipotético de controle da dormência em macieira.

Registro SISGEN: Não se aplica

¹ Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e Molecular, Centro de Biotecnologia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, 91501-970. Bolsista CAPES. E-mail: tiago.sartor@outlook.com

² Laboratório de Genética Molecular Vegetal, Embrapa Uva e Vinho, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Bento Gonçalves, RS, 95701-008