

Seleção de plantas de macieira com supressão da dormência através de edição genômica⁽¹⁾

Gabriel Chenet Frandoloso⁽²⁾, Felipe dos Santos Maraschin⁽³⁾, Cibele Tesser da Costa⁽³⁾, Stefano Piazza⁽⁴⁾, Mickael Malnoy⁽⁴⁾, Luís Fernando Revers⁽⁵⁾

⁽¹⁾Trabalho realizado com apoio financeiro do Projeto SEG Embrapa 10.20.03.046.00.00; Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio Grande do Sul, 22/2551-0000834-8. ⁽²⁾Estudante de graduação, Universidade Estadual do Rio Grande do Sul, Bento Gonçalves, RS. ⁽³⁾Professores associados, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS. ⁽⁴⁾Pesquisadores, Fundação Edmund Mach, San Michele all'Adige TN, Itália. ⁽⁵⁾Pesquisador, Embrapa Uva e Vinho, Bento Gonçalves, RS.

Resumo – A macieira, originária de regiões de clima temperado, enfrenta limitações em seu cultivo no Brasil devido à exigência de horas de frio necessárias para a quebra da dormência. Essa limitação é mitigada por meio de um manejo combinado de podas programadas e a utilização de agentes químicos, os quais representam riscos à saúde humana e ao meio ambiente. Pesquisas recentes destacam a importância da família de genes do tipo MADS-box denominados de *Dormancy-associated MADS-box* (DAM) no controle do processo de dormência. Em etapas anteriores deste projeto, foram executados experimentos de transformação para edição genética em macieiras mediada por CRISPR CAS9, visando eventos das combinações de genes DAM1-2-4-b, DAM1-4, DAM1-b e DAM2-b, as quais possuem potencial de gerar fenótipos associados à dormência. Na primeira etapa, foram selecionados 20, 21, 21 e 27 eventos potenciais para as combinações DAM1-2-4-b, DAM1-4, DAM1-b e DAM2-b, respectivamente, totalizando 89 eventos. A genotipagem dos eventos foi iniciada pela combinação DAM1-b, empregando-se PCR com iniciadores desenhados para amplificar as regiões alvo definidas pelos sgRNAs, resultando na identificação de 5 eventos contendo deleções confirmadas em pelo menos um dos genes alvo. A etapa de genotipagem será continuada para os demais eventos, empregando-se, além da PCR, métodos de sequenciamento de alto desempenho. As obtenções dessas variações genéticas têm a expectativa de reduzir o período de dormência, representando uma potencial inovação biotecnológica.

Termos para indexação: *Malus domestica*, Cas9, DAM, estresses ambientais, fruticultura, edição gênica.