

Identificação de genes MADS-box associados à dormência no genoma da macieira

Vitor da Silveira Falavigna¹, Pâmela Perini², Luís Fernando Revers³

O cultivo de maçãs apresenta grande importância no cenário mundial. Seu melhoramento inclui a compreensão de mecanismos de regulação específicos que envolvem fatores ambientais, como a progressão da dormência dependente de frio. Genes MADS-box são uma família de fatores de transcrição com domínio conservado de ligação ao DNA, com papel fundamental na determinação floral de meristemas e na transição do crescimento vegetativo para o reprodutivo. Genes MADS-box associados à dormência (DAM) foram identificados em pêsego como candidatos para a paralisação do crescimento vegetativo e a formação da gema terminal. No presente trabalho, fez-se a identificação dos possíveis ortólogos dos genes DAM em macieira, explorando ferramentas de bioinformática e a primeira versão pública disponível do genoma da macieira. As sequências de aminoácidos dos seis genes DAM de pêsego foram comparados por BLAST com os genomas de macieira, *Arabidopsis* e álamo. O critério utilizado para selecionar os genes candidatos foi e-value menor que e-40. No genoma da macieira foram encontrados sete possíveis ortólogos (MdDAM1 a 7). Para comparar as sequências identificadas, uma árvore filogenética incluindo genes DAM de macieira, *Arabidopsis*, álamo, *Ipomea batatas* e *Petunia hybrida* foi construída utilizando-se o método de máxima verossimilhança. A árvore obtida foi visualizada e editada no software iTOL, e a análise de domínios foi realizada pelo programa MEME suite. Os genes MdDAM1 a 3 representam possíveis candidatos a reguladores do processo de dormência em macieira. Os genes MdDAM4 e 5 correspondem possivelmente à ortólogos do gene SVP de *Arabidopsis*, responsável pela supressão do gene regulador de floração FT. Os genes MdDAM6 e 7, embora integrem o clado DAM, possuem domínios MIKCC incompletos, que podem ser resultantes de eventos de duplicação/pseudogenização ou ainda de erros de montagem do genoma. Os resultados deste trabalho serão utilizados para subsidiar ações de pesquisa visando à caracterização funcional dos genes DAM de macieira.

¹ Graduando UERGS, Rua Benjamin Constant, 229, 95700-000 Bento Gonçalves, RS. Estagiário Embrapa Uva e Vinho. vitorfalavigna@gmail.com

² Mestranda PPGBCM/UFRGS. Av. Bento Gonçalves, 9.500, 91501-970 Porto Alegre, RS. pamela.perini@yahoo.com.br

³ Pesquisador Embrapa Uva e Vinho. Rua Livramento, 515, 95700-000 Bento Gonçalves, RS. luis@cnpuv.embrapa.br