

IDENTIFICAÇÃO DA SEQUENCIA DO GENE *MOC1* DO ARROZ NO GENOMA DO TRIGO E AVEIA

Daniel da Rosa Farias¹, Emilia Malone¹, Luciano C. Maia¹, Naciele Marini¹, Renata Alhert¹, Igor P. Valerio¹, Fernando I. F. Carvalho¹, Antonio C. de Oliveira¹. ¹Centro de Genômica e Fitomelhoramento/FAEM/UFPEL, Campus Universitário s/n 3º Andar, c.p: 354, CEP: 96010-900. farias08@hotmail.com

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um dos cereais de maior importância social e econômica para o mundo, servindo de alimento para dois terços da população mundial. A crescente demanda por este alimento remete ao melhoramento genético para o atendimento de mecanismos genéticos ligados à alta produtividade e qualidade de grãos, sendo imprescindível para isto à presença de variabilidade genética. O arroz apresenta um genoma pequeno (420 Mpb) e tem sido extensamente manipulado geneticamente, sendo visualizado como modelo de pesquisa para outras culturas (DEVOS & GALE, 2000). Isto permite que seja utilizado para a realização de estudos de colinearidade molecular em outras espécies de gramíneas, e assim, com base na sintonia, identificar e caracterizar genes de interesse em espécies relacionadas como o trigo (*Triticum aestivum* L) e aveia (*Avena sativa* L.).

A identificação de genes marcadores associados a caracteres de interesse agrônomo é utilizada para aumentar a eficiência dos programas de melhoramento, consequentemente contribuir para o incremento da área cultivada no sistema de plantio direto e aumentar a produtividade do cereal. O afilhamento em arroz é um caracter importante para a produção de grãos, e também um sistema modelo para estudos de ramificação em plantas monocotiledôneas. O gene *MONOCULM 1* (*MOC1*) que, é importante no controle do afilhamento em arroz, codifica para uma família de proteínas nucleares que é expressa principalmente em brotos auxiliares, tendo as funções de iniciação e crescimento dos mesmos (XUEYONG LI *et al.*, 2003).

A importância dos filhos caracteriza-se pela participação desses, como parte dos componentes do rendimento das plantas e como prováveis supridores de assimilados ao colmo principal (MEROTTO JUNIOR, 1995). O afilhamento é um das muitas características agrônomicas importantes para a produção de grãos, pois determina o número de panículas, sendo assim, um componente chave no rendimento.

Por esses motivos, o objetivo deste trabalho foi identificar a existência das seqüências referentes ao gene *MOC1* descrito em arroz, no genoma do trigo e aveia.

O trabalho foi desenvolvido no Laboratório pertencente ao Centro de Genômica e Fitomelhoramento da FAEM/UFPEL. Os genótipos utilizados foram selecionados com base em experimento bianual de potencial de afilhamento a campo, foram escolhidos seis genótipos de trigo, oito genótipos de aveia e quatro de arroz como controle positivo (Tabela 1), dentre os genótipos de aveia e trigo, existem diferenças quanto ao número de filhos que apresentam. O DNA das plantas foi extraído a partir de folhas verdes por meio do método descrito por SAGHAI-MAROOF *et al.* (1984), a sua concentração foi estimada por meio de gel de agarose 0,8% corado com Brometo de Etídeo. A posterior amplificação do gene de interesse foi realizada com iniciadores desenhados com base na seqüência original do Gene *MOC1* do arroz, disponível no banco de dados do *National Center for Biotechnology Information* (NCBI). Foi desenhado o par de iniciadores com a seguinte seqüência: *MOC1* (1-1500 pb): *Forward* CCACTGGCCTCGAGTTTCAC; *Reverse* CAGGTTGTGCAAGAACATGA. A reação de amplificação foi feita em termociclador modelo PT100 com a seguinte programação: um ciclo inicial de desnaturação a 94°C por três minutos, seguido de 35 ciclos a 94°C por um minuto; 52°C por um minuto, 72°C por um minuto com um ciclo final a 72°C por 10 minutos. A separação dos fragmentos amplificados foi feita em gel de agarose 2% e sua visualização foi com Brometo de Etídeo. O produto da amplificação foi analisado a fim de constatar a existência de regiões genômicas do gene

estudado no genoma da aveia. Com o resultado do perfil de migração dos fragmentos amplificados (Figura 1 e 2) foi possível detectar a existência da seqüência do gene *MOC1* do arroz no genoma do trigo e aveia. Estudos posteriores com o seqüenciamento das regiões amplificadas poderão ajudar na elucidação da existência de alterações na seqüência do mesmo gene entre as duas espécies como também, alterações entre os indivíduos da mesma espécie, correlacionando-se com a presença/ausência do número de filhos em cada um.

A amplificação de seqüências homólogas ao gene *MOC1* do arroz corrobora com a verificação da existência de genes ortólogos nas espécies de trigo e aveia.

PALAVRAS CHAVES: sintenia, afilhamento, genes ortólogos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- DEVOS, K.M.; GALE, M.D. Genome Relationships: The Grass Model in Current Research. **Plant Cell**, v.12, p.637-646, 2000.
- MEROTTO JUNIOR, A. Processo de afilhamento e crescimento de raízes de trigo afetado pela resistência do solo. Porto Alegre-RS, 1995. 114p. **Dissertação** (Mestrado em Fitotecnia) - Programa de Pós-graduação em Fitotecnia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, 1995.
- SAGHAI-MAROOF, M.A.; SOLIMAN, K.M.; JORGENSEN, R.A.; ALLARD, R.W. Ribosomal DNA spacer length polymorphism in barley: Mendelian inheritance, chromosome location and population dynamics. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the U.S.A.**, v.89, n.2, p.1477-1481, 1984.
- XUEYONG LI, QIAN QIAN, ZHIMING FU, YONGHONG WANG, GUOSHENG XIONG, DALI ZENG, XIAOQUN WANG, XINFANG LIU, SHENG TENG, FUJIMOTO HIROSHI, MING YUAN, DA LUOK, BIN HAN & JIAYANG LI. Control of tillering in rice. **Nature**, v. 422. 2003.

Tabela 1. Lista de genótipos utilizados na análise. CGF/FAEM/UFPel, Pelotas, 2007.

Amostra	Genótipo	Cultura
1	Nipponbare	A
2	BRS 7-Taim	R
3	Firmeza	O
4	BRS Atalanta	Z
5	Juriti	T
6	IPR 85	R
7	CEP 29	I
8	BR 177	G
9	Figueira	O
10	Zafira	
1	Albasul	
2	UPF 97H300-2-12	
3	UPF 94 H 100-1-8-3	
4	UPFA 20	A
5	FAPA 4	V
6	CGF 03006	E
7	UFRGS 14	I
8	UPF 97H200-4	A
9	UPF 15	
10	CGF 03-021	
11	ERC V 9826-2	
12	UFFel 06-03	

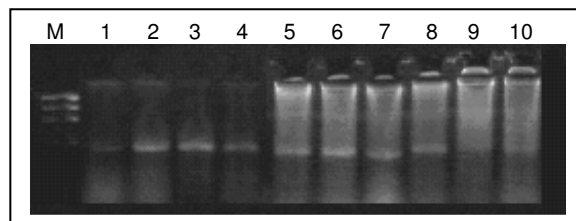


Figura 1. Padrão de amplificação do gene *MOC1* em genótipos de arroz (1-4) como controle positivo da presença do gene e em genótipos de trigo (5-10). M: Marcador Molecular *Low DNA Mass Ladder*, CGF/FAEM/UFFel, Pelotas, 2007.

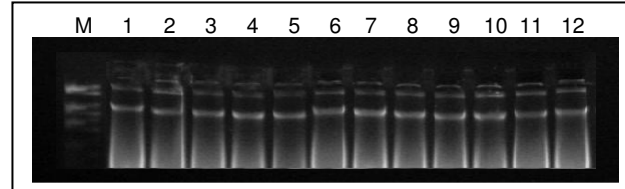


Figura 2. Padrão de amplificação do gene *MOC1* em genótipos de aveia (1-12). M: Marcador Molecular *Low DNA Mass Ladder*, CGF/FAEM/UFFel, Pelotas, 2007.