Caracterização de genes reguladores do degrane em arroz vermelho.

(Somente a primeira letra do título e nomes próprios em caixa alta. Não usar nome científico, abreviações, fórmulas e símbolos.)

Cátia Meneguzzi1, Aldo Merotto Junior1, Catarine Markus1, Giovani Benin2 (máximo 7 autores)

1Universidade Federal do Rio Grande do Sul Rio, Porto Alegre, RS, Brasil, 2Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Pato Brando, PR, Brasil. contato: meneguzzicatia@gmail.com

O degrane é uma característica adaptativa que contribui para a perpetuação do arroz vermelho possibilitando a dispersão das sementes diminuindo a retirada das mesmas no momento da colheita. Estudos anteriores realizados em nosso laboratório em indicaram que o gene *OsCel9D* e *SHAT1* podem estar envolvidos na regulação do degrane. O objetivo deste trabalho foi avaliar a composição nucleotídica e expressão dos genes *OsCel9D e SHAT1* como forma de compor os conhecimentos de regulação do degrane em arroz vermelho. O material vegetal constituiu de nove cultivares de arroz, sete ecótipos de arroz vermelho e da espécie *O. glaberrima*. Inicialmente as sementes foram submetidas a condições ideais para o processo de germinação, quando apresentavam radícula maior que 1 mm foi realizado o transplante para tanques contendo solo. O estudo da expressão foi realizado na região de ligação da flor com o pedicelo. Em cada panícula foram coletadas 30 junções pedicelo flor da parte mediana da panícula, equivalente a 30 mg de material vegetal, que correspondeu a uma repetição. Cada genótipo contou com três repetições. A extração do RNA foi realizada pelo método Trizol. A quantificação relativa foi realizada pelo ajuste das curvas pela análise da eficiência da PCR através do software LinRegPCR. Os resultados indicaram que o gene *OsCel9D* apresentou menor expressão nos ecótipos de arroz vermelho, os quais demonstraram alto degrane. Alternativamente, este gene apresentou maior expressão nas cultivares de arroz que apresentam médio ou baixo degrane. Estes resultados indicam que o gene *OsCel9D* está relacionado à repressão da característica de degrane em *O. sativa*. O estudo da composição nucleotídica dos genes *SHAT*1 e *OsCel9D* foi iniciado pela avaliação de 24 primers através de reações de PCR convencional. Os primers avaliados amplificaram as regiões dos genes em estudo. Portanto, os primers utilizados nas reações de PCR se mostraram capazes de amplificar as regiões dos genes *OsCel9D* e *SHAT* 1. O gene *OsCel9D* apresenta relação com a repressão da característica do degrane em arroz vermelho.

**Palavras-chave:** Arroz daninho, Gene *OsCel9D*, gene *SHAT1*, debulha natural (Mínimo três e máximo cinco termos, separados por vírgula)