



Evento	Salão UFRGS 2014: SIC - XXVI SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2014
Local	Porto Alegre
Título	Identificação de genes normalizadores para estudos de expressão gênica associada à oleorresinose em Pinus elliotti
Autor	MAGNUS RIFFEL KERBER
Orientador	ARTHUR GERMANO FETT NETO

Oleoresina, uma complexa mistura de terpenos (mono, sesqui e diterpenos), representa uma importante *commodity* que fornece matéria-prima para a indústria farmacêutica, alimentícia, agroquímica e química. Derivados da oleoresina de pinus, extraídos por meio de incisões periódicas na casca seguida de aplicação de pastas indutoras de exsudação, encontram aplicações em tintas de impressora, tintas automotivas, revestimentos de superfícies, adesivos, desinfetantes, fármacos, aromatizantes e flavorizantes, além de bioinseticidas. A produção de oleoresina é essencialmente uma resposta de defesa, responsiva a etileno e jasmonato, e dependente da atividade de terpeno sintases. Há falta de informações sobre as bases moleculares da oleoresinose em plantas adultas, de campo, em espécies de uso comercial nesta atividade florestal. O presente trabalho propõe-se a identificar gene(s) expresso(s) de forma constitutiva durante oleoresinose em condições de campo e com árvores adultas, a fim de subsidiar estudos quantitativos de expressão gênica associada à resinose em *Pinus elliottii*, com vistas à otimização da produção de oleoresina. Árvores adultas estriadas e tratadas no ferimento com ou sem pastas indutoras utilizadas comercialmente foram utilizadas. Foram feitas coletas periódicas de todas as árvores nos dias: 5, 7, 16 e 32 após o tratamento com as pastas indutoras de oleoresinose. O material foi congelado em nitrogênio líquido e foi feita a extração do RNA total. Após a síntese de cDNA, foram feitas reações de PCR com primers conservados, definidos por comparação de sequências gênicas de candidatos a normalizadores, obtidas de bancos de dados e da literatura científica, referentes a genes utilizados como referência em outros sistemas experimentais. Os amplicons obtidos foram analisados em um gel de agarose 1%, seus tamanhos foram calculados, bem como suas sequências confirmadas pelo método de Sanger. De um total de 9 candidatos, foram confirmados com sucesso os genes GAPDH (Gliceraldeído-3-fosfato-desidrogenase); HISTO 3 (Histona 3); REDUC (Éter redutase); TUB (α -tubulina); HEATS (Proteína de choque térmico); eEF (Fator de alongação 1 α). Está em andamento a análise de expressão destes genes por qRT-PCR em diferentes dias de tratamento e para diferentes pastas indutoras. Os perfis de expressão serão avaliados por ferramentas de bioinformática, tais como geNorm e Normfinder, possibilitando a análise quantitativa da estabilidade de expressão dos genes. Essa comparação será feita tanto em um mesmo dia de tratamento, quanto entre os diferentes dias de tratamento. Os genes de expressão mais estável poderão ser recomendados como referência, por exemplo, para análises de expressão de genes de terpeno sintases envolvidas na biossíntese de oleoresina. (Apoio: Fapergs, CNPq, Irani Celulose).