

# 0077 – PUTATIVO TRANSCRITO DO GENE *SERK* É ISOLADO EM CALOS EMBRIOGÊNICOS DE *Physalis ixocarpa*

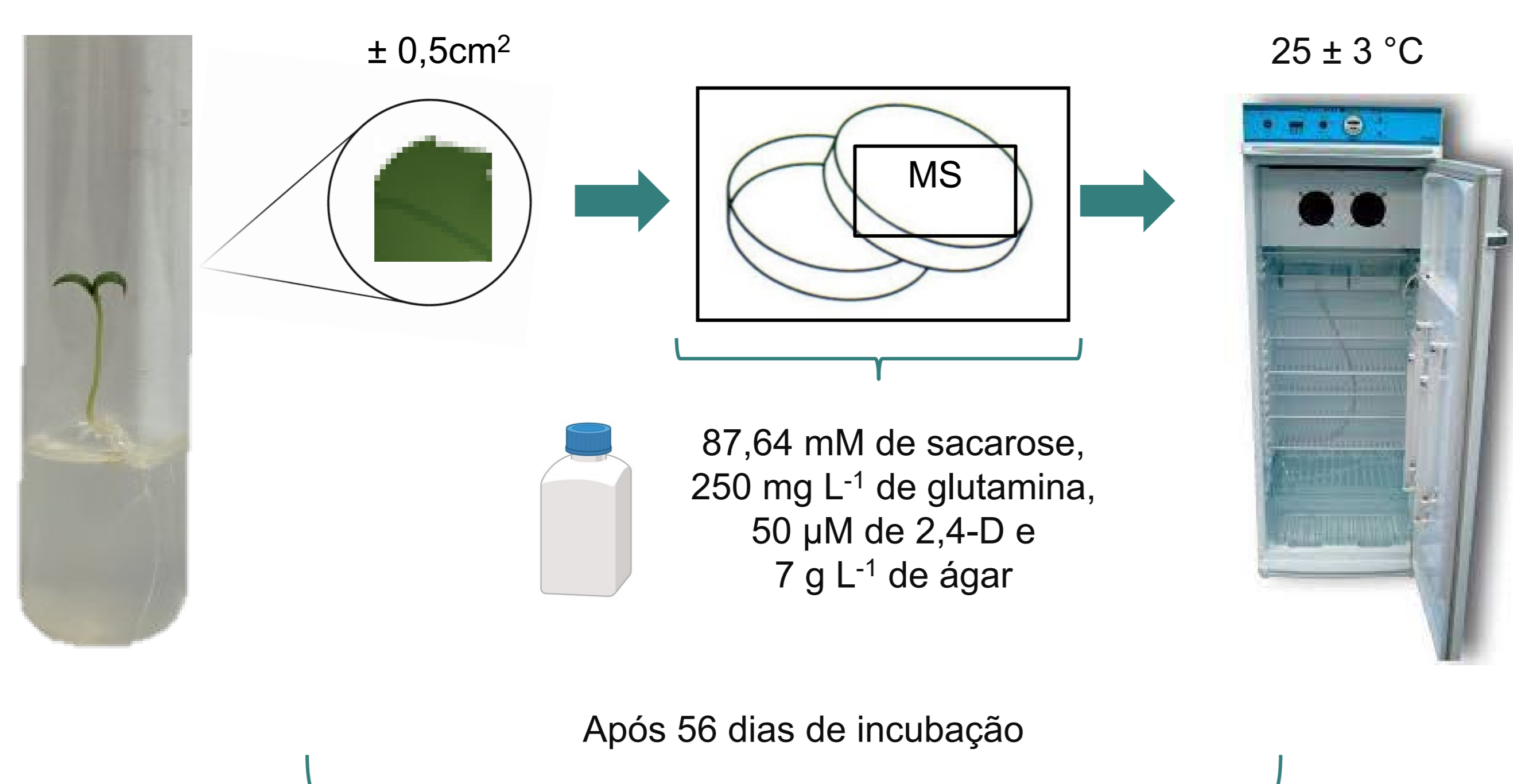
GABRIELA TORRES-SILVA<sup>1</sup>; ROSEMBRANDO S. L. CARVALHO FILHO<sup>2</sup>; HUGO VITA SOUSA<sup>3</sup>; ALESSANDRA S. SCHNADELBACH<sup>3</sup>; JOSÉ RANIERE F. DE SANTANA<sup>2</sup>.

<sup>1</sup>UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA, <sup>2</sup>UNIVERSIDADE ESTADUAL DE FEIRA DE SANTANA, <sup>3</sup>UNIVERSIDADE FEDERAL DA BAHIA

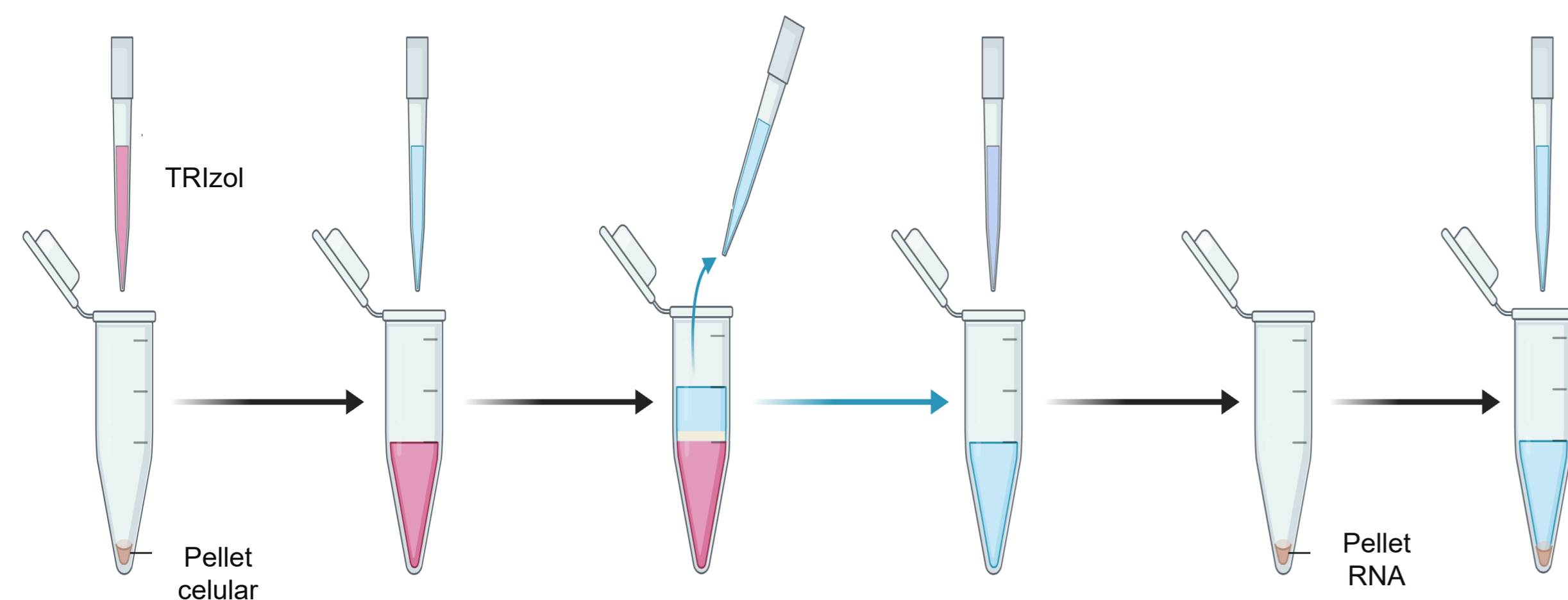
## INTRODUÇÃO

*Physalis ixocarpa* Brot. ex Hormen é uma espécie herbácea com propriedades nutracêuticas e medicinais pertencente à família Solanaceae. A propagação em larga escala desta espécie, via embriogênese somática, é uma alternativa para exploração sustentável dos seus recursos. Estudos genéticos e moleculares focados no desenvolvimento vegetal têm relatado o envolvimento do gene *SERK* (*Somatic Embryogenesis Receptor Kinase*) no processo de aquisição de competência embriogênica. Como *P. ixocarpa* não possui genoma sequenciado e anotado, o objetivo deste trabalho foi isolar putativos transcritos do gene *SERK* utilizando *primers* degenerados para utilizá-los em futura identificação molecular de calos embriogênicos.

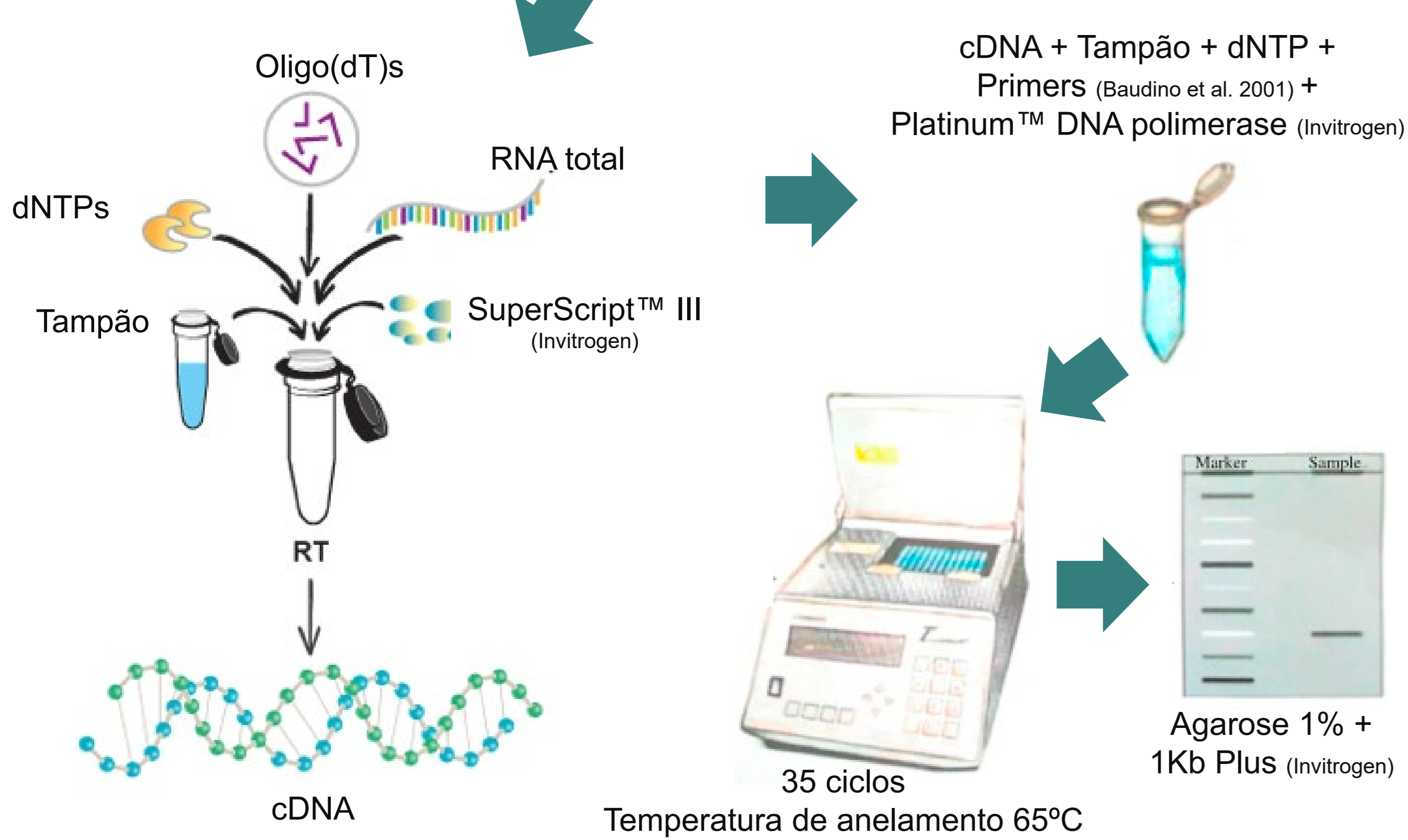
## METODOLOGIA



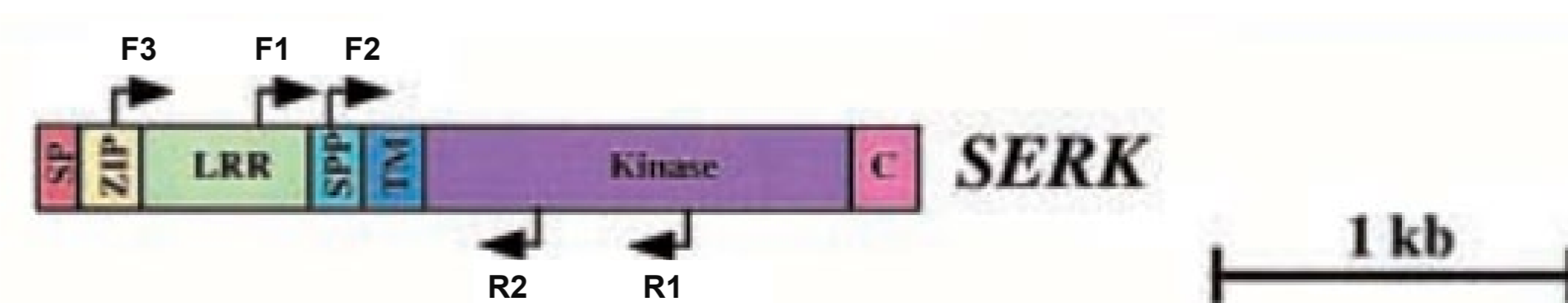
Extração de RNA total utilizando TRIzol™ (Invitrogen)



Síntese de cDNA utilizando SuperScript III™ (Invitrogen)



## RESULTADOS E CONCLUSÕES

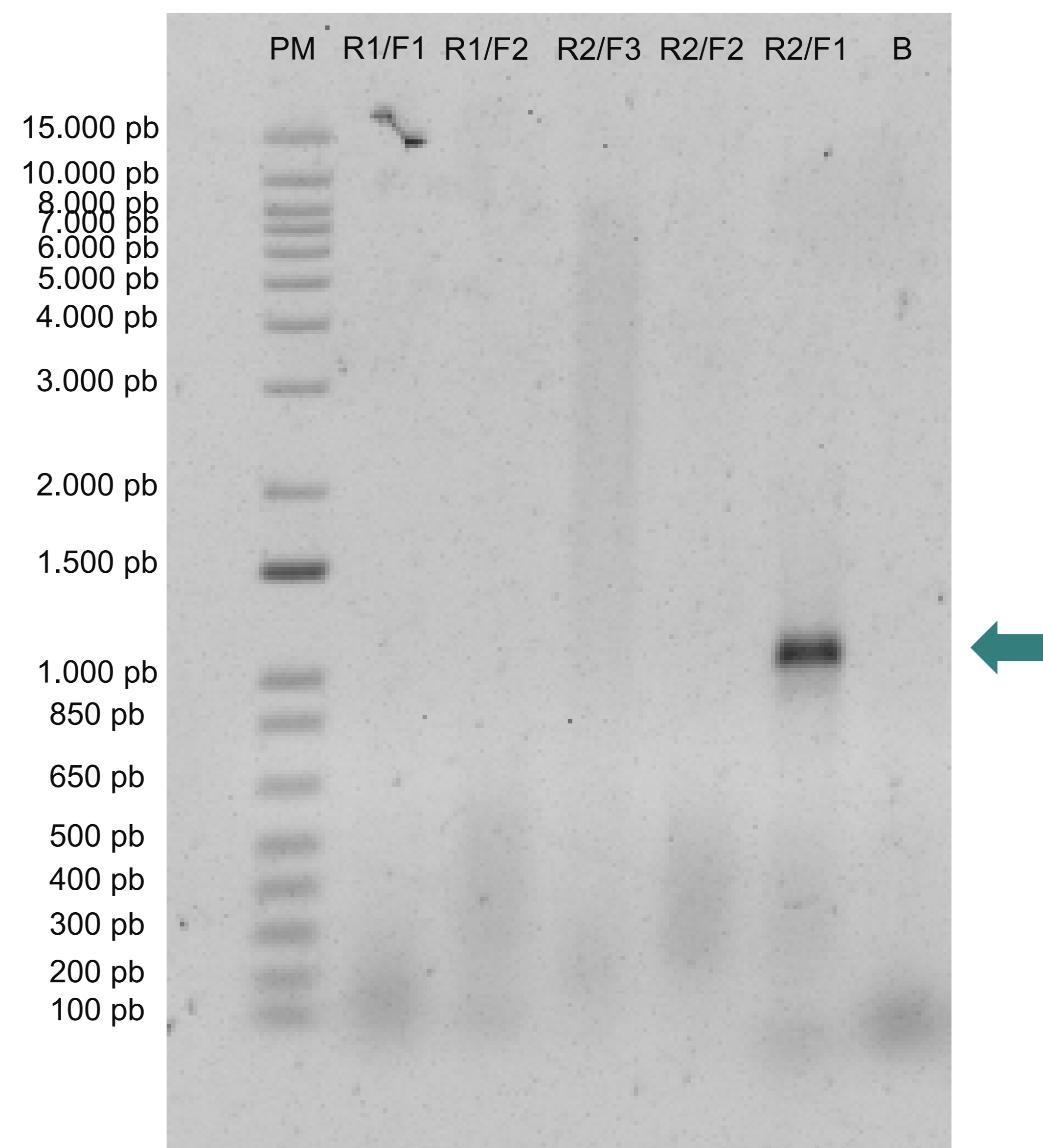


**Figura 1.** Representação esquemática do gene *ZmSERK* adaptada de Baudino et al. (2001). A posição dos *primers* degenerados está indicada com a seta. **C** = domínio C-terminal, **Kinase** = domínio proteína-quinase, **TM** = domínio transmembrana (*transmembrane domain*), **SPP** = região rica em prolina (*proline-rich region*), **LRR** = região rica em repetições de leucina (*leucine-rich repeats*), **ZIP** = putativo zíper de leucina (*putative leucine zipper*), **SP** = peptídeo de sinal (*signal peptide*).

**Tabela 1.** Sequências de *primers* degenerados (Baudino et al. 2001) utilizadas para amplificar sequência codante do putativo gene *SERK* de *Physalis ixocarpa*.

Primers	Sequencia (5'-3')	Domínio estrutural
Reverse 1	5' TGTHACRTGGGTRTCCTGTARTCCAT 3'	Kinase VII
Reverse 2	5' CGRTGMACWGCCATRCCTIATCAT 3'	Kinase III
Foward 1	5' GTGAAYCCTTGACATGGTTTCATGT 3'	LRR
Foward 2	5' CCMTGYCCIGGATCTCCCCITTT 3'	SPP
Foward 3	5' ATGTCACYSACYAATATYACWACYCTTCAAG 3'	ZIP

W = A ou T; R = A ou G; M = A ou C; Y = C ou T; H = A, C ou T; S = C ou G; D = A, G ou T



**Figura 2.** Separação dos produtos da amplificação do cDNA de *Physalis ixocarpa* utilizando os *primers* degenerados descritos na Tabela 1, em gel de agarose a 1%, corados com GelRed® (Biotium) e fotodocumentado em transluminador de luz UV modelo L-PIX EX (Loccus Biotecnologia) acoplado ao software LABIMAGE 1D L320. **PM** = Peso molecular (1Kb Plus Invitrogen), **B** = branco, **seta** indica produto de amplificação com tamanho superior a 1.000 pb e inferior a 1.500pb.

O fragmento obtido possui tamanho correspondente à região do gene *SERK* flanqueada pelos *primers* utilizados.

Futura caracterização do transcrito de *P. ixocarpa* permitirá afirmar a qual gene da família *SERK* este fragmento pertence.

## REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA:

Baudino, S.; Hansen, S.; Brettschneider, R.; Hecht, V.; Dresselhaus, T.; Lorz, H.; Dumas, C.; Rogowsky, P. (2001). Molecular characterization of two novel maize LRR receptor-like kinases, which belong to the *SERK* gene family. *Planta*, 213:1-10. <https://doi.org/10.1007/s00425000471>.

## AGRADECIMENTOS

