



XIX ENFRUTE

ENCONTRO NACIONAL
SOBRE FRUTICULTURA
DE CLIMA TEMPERADO

28.29.30 JULHO 2026

PARQUE DA MAÇÃ - FRAIBURGO/SC



3º SEMINÁRIO
CATARINENSE DE OLERICULTURA

III SEMCO



Caracterização genômica e mapeamento de genes flanqueadores ao *Locus* de autoincompatibilidade gametofítica (*locus S*) em *Malus domestica*

Márcia Denise Rossarolla - UFSC / mdrossarolla@gmail.com

Tiago Camponogara Tomazetti - EPAGRI

Liane Bahr Thurow - EPAGRI

INTRODUÇÃO

A autoincompatibilidade gametofítica (GSI) em *Malus domestica* é controlada pelo *locus S*, que codifica proteínas-chave para o reconhecimento e rejeição do pólen. No estilete, a ribonuclease S (*S-RNase*), codificada pelo alelo S do pistilo, entra no grão de pólen e degrada o RNA de pólenes não compatíveis. No pólen, os genes S F-box (*SFBB*) determinam especificidade ao mediar a ubiquitinação e degradação de S-RNases "não próprias", permitindo a compatibilidade. Apesar dos avanços, os genes flanqueadores ao *locus S* ainda são pouco caracterizados em maçã.

O objetivo deste estudo foi realizar o mapeamento *in silico* e a caracterização genômica da região flangeadora ao *locus S* no genoma de referência Golden Delicious v1.1 (GDDH13), visando identificar genes candidatos e elementos estruturais associados à supressão de recombinação nesta região telomérica.

METODOLOGIA

Sequências genômicas e proteicas foram coletadas nos bancos de dados NCBI e GDR. Foram utilizados os IDs de referência LOC103405766 para a S-RNase e LOC103445868 para a proteína MdSSK1 (SLF-interacting protein), essencial para o complexo SCF (Skp1-Cullin-F-box). O mapeamento físico foi realizado no cromossomo 17, utilizando a ferramenta Genome Data Viewer para delimitar a vizinhança genômica. A análise de sintenia comparativa foi conduzida com o genoma de *Gillenia trifoliata*, espécie irmã de *Malus* que não sofreu poliploidização, para inferir a evolução do sistema de reconhecimento "nonself". Os resultados confirmaram a localização da S-RNase na extremidade distal do cromossomo 17 (coordenadas 31.449.839 a 31.452.016 pb, fita complementar), região caracterizada por alta densidade de elementos transponíveis e baixa taxa de recombinação.

RESULTADOS

Figura 1. Caracterização Genômica e Interatoma do *Locus S* em *Malus domestica*

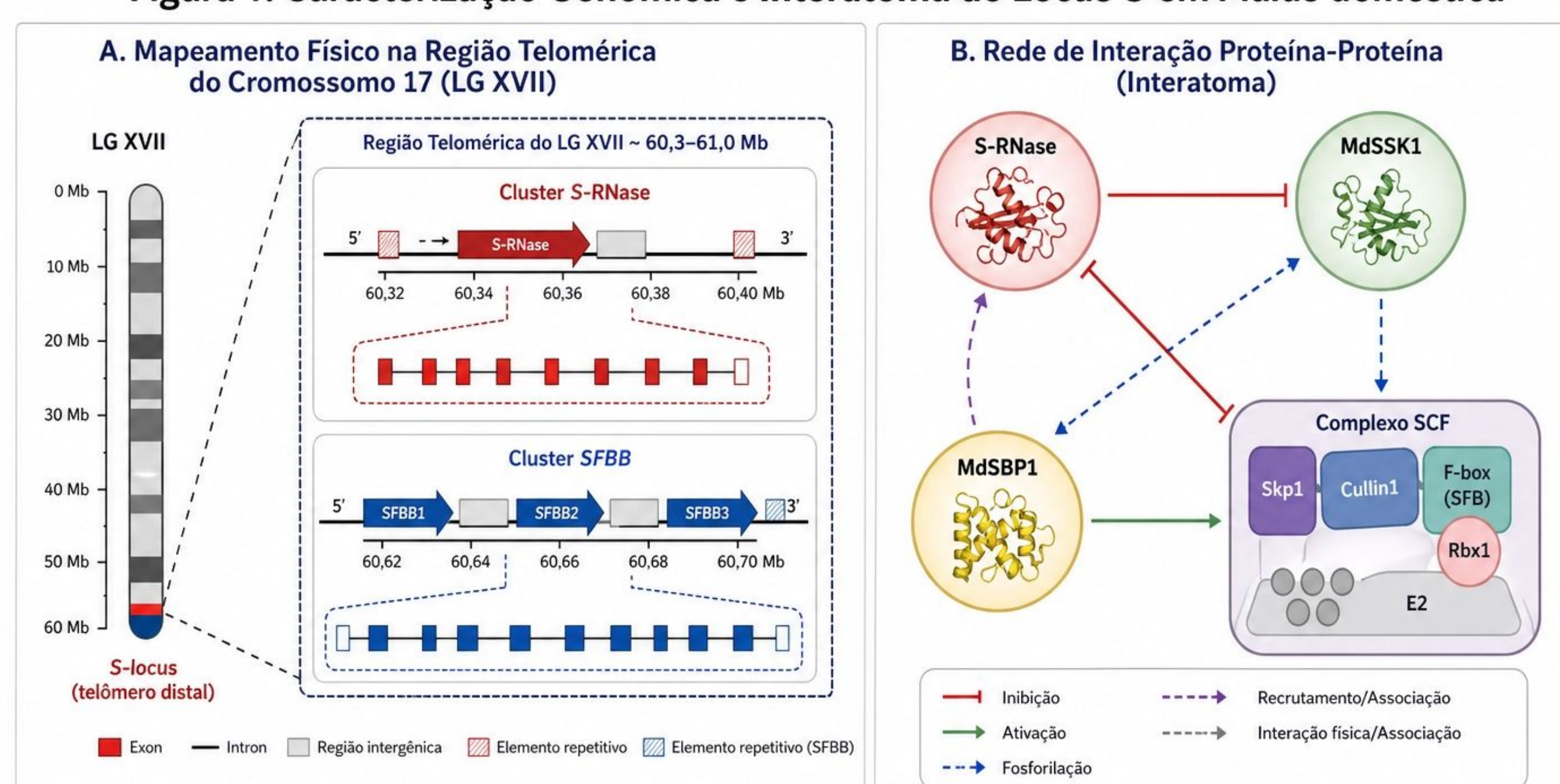


Figura 1. Caracterização genômica e interatoma do *locus S* em *Malus domestica*. A. Mapeamento físico evidenciando a localização telomérica da S-RNase e dos clusters de genes SFBB no cromossomo 17 (LG XVII). B. Rede de interação proteína-proteína (interatoma) demonstrando a integração funcional entre os determinantes de especificidade e o complexo SCF.

SÍMBOLOS (Painel A)	TIPOS DE INTERAÇÃO (Painel B)	ABREVIÇÕES
Exon	Inibição (efeito negativo)	S-RNase: Ribonuclease associada à autoincompatibilidade S
Intron	Ativação (efeito positivo)	SFBB: S-locus F-box brothers
Região intergênica	Fosforilação	MdSSK1: Serina/treonina quinase S-locus de <i>Malus domestica</i>
Elemento repetitivo	Recrutamento/Associação	MdSBP1: Proteína ligante de S-RNase de <i>Malus domestica</i>
Elemento repetitivo (SFBB)	Interação física/Associação	SCF: Complexo de ubiquitina ligase Skp1-Cullin1-F-box
Telômero		(Rbx1: RING-box protein 1; E2: Enzima conjugadora de ubiquitina)
S-locus		Mb: Megabases; LG: Linkage Group (grupo de ligação)

Nota: Posicionamento genômico baseado no genoma de referência 'Golden Delicious' (v2.0). Escalas aproximadas.

CONCLUSÃO

A região do *locus S* de *M. domestica* foi delimitada no cromossomo 17, contendo os genes *S-RNase* e *SFBB* em arranjo conservado, flanqueados por diversos genes com funções potenciais em processos celulares e de reconhecimento. As análises de interação proteica sustentam o papel central de *SFBB* na mediação da degradação específica de *S-RNase*. Este estudo fornece uma base genômica e funcional para compreender a GSI em maçã e apoiar estratégias de melhoramento.

PROMOÇÃO



APOIO



www.enfrute.com