



**Congrega**  
Urcamp 2016

13ª Jornada de Pós-Graduação e Pesquisa

REVISTA DA JORNADA DE PÓS-GRADUAÇÃO E PESQUISA ISSN:1982-2960

## **QUALIDADE DE GRÃOS EM ARROZ: GENES CANDIDATOS E EXPRESSÃO TRANSCRICIONAL**

NATÃ DIENES MACHADO<sup>1</sup>, RAILSON SCHREINERT DOS SANTOS<sup>2</sup>, DANIEL DA ROSA FARIAS<sup>3</sup>, ARTUR TEIXEIRA DE ARAUJO JUNIOR<sup>4</sup>, ANTONIO COSTA DE OLIVEIRA<sup>5</sup>

### **RESUMO**

O arroz é um dos alimentos mais consumidos no mundo. Seu grande mercado não demanda só quantidade, mas também uma qualidade que atenda diferentes grupos de consumidores. A qualidade de grãos em arroz pode ser dividida em quatro tipos básicos: qualidade em termos de aparência, de brunimento, de palatabilidade/cozimento e qualidade em termos nutricionais. Nesse estudo identificou-se genes ligados à aparência, genes estes que tiveram então sua expressão analisada na cariopse do arroz. Foi possível com isto se verificar que na literatura disponível muitos genes já foram identificados como tendo relação com a aparência de grãos, algo não comum para outras características de qualidade como as relacionadas com brunimento. Os resultados aqui demonstrados, com base nos genes mais expressos na cariopse, deverão ser nosso foco nos próximos estudos visando melhoramento para qualidade de grãos em termos de aparência. Estudos complementares na região promotora destes genes deverão fornecer ainda mais informações sobre o controle da expressão gênica nos grãos.

**PALAVRAS CHAVE:** *Oryza sativa*, qualidade de grãos, aparência, cariopse.

## ABSTRACT

Rice is one of the most consumed foods in the world. Its great market demands not only quantity but also quality that should meet the preferences of different consumer groups. The quality of rice grains can be divided into four basic types: quality in terms of appearance, milling, palatability/cooking and nutrition. In this study we identified genes linked to appearance, these genes also had their expression analyzed in the caryopsis. Our findings show that many genes related to the appearance are available in the current literature, something that is not common to other quality characteristics as those related to milling. The results shown here, which are based on transcriptional expression in the caryopsis, point which genes should be our focus in the next studies aiming to improve grain quality in terms of appearance. Additional studies in the promoter region of these genes should also provide more information about the control of gene expression in grains.

KEYWORDS: *Oryza sativa*, grain quality, appearance, caryopsis.

## 1 INTRODUÇÃO

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um alimento de grande importância para grande parte da população mundial, sendo a terceira *commodity* agrícola com maior produção, logo após a cana de açúcar e o milho (FAO, 2012). Entretanto, a demanda por arroz não está relacionada somente à quantidade, mas também à qualidade, demanda esta que vem crescendo gradativamente.

No Brasil, a preferência do consumidor está voltada para cultivares do tipo agulhinha, representadas principalmente por genótipos majoritariamente *indica* (*Oryza sativa* L. subsp. *indica*), com aspecto translúcido, baixo índice de defeitos e com comportamento de cocção adequado às preferências locais.

Diversos genes e *loci* de características quantitativas (QTLs, do inglês *quantitative trait loci*) relativos a qualidade de grão, em seus quatro principais aspectos (brunimento, aparência, cocção e características nutricionais), foram identificados (BAO, 2014: 239-278), sendo que estudos mais aprofundados destas regiões podem levar ao melhor entendimento de como a qualidade de grão é definida em termos genéticos. Este entendimento constituiria uma importante ferramenta auxiliar no melhoramento de plantas.

Baseado nisto este estudo tem como objetivo reunir genes descritos na literatura como tendo importância para características relacionadas à aparência bem como obter dados de expressão transcricional destes genes na cariopse do arroz.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

### *Identificação de Genes de Interesse*

A identificação de genes de interesse foi feita com base na literatura atual presente no PubMed. Para isto se utilizaram os seguintes parâmetros de busca: ("appearance quality"[All Fields] OR "grain size"[All Fields] OR "grain length"[All Fields] OR "grain width"[All Fields] OR "grain shape"[All Fields] OR "length-to-width"[All Fields] OR "chalkiness"[All Fields] OR "PGWC"[All Fields]) AND ("rice"[All Fields] OR "Oryza"[All Fields]) AND ("gene"[All Fields] OR "genes"[All Fields] OR "QTL"[All Fields] OR "QTLs"[All Fields] OR "locus"[All Fields]).

### *Análise Transcricional em Bancos Públicos*

Para obtenção de dados de expressão no *Genevestigator* (HRUZ et al., 2008) foram utilizados os números de identificação da base de dados da *Michigan State University (MSU – [rice.plantbiology.msu.edu/](http://rice.plantbiology.msu.edu/))*. Toda a base de dados disponível no *Genevestigator* foi utilizada para obter os dados de expressão nos diferentes órgãos da planta.

## 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### *Dados Disponíveis na Literatura*

A partir dos 186 artigos retornados da pesquisa no Pubmed para qualidade em termos de aparência foram encontrados 56 estudos que relatam sequências identificadas como capazes de modificar em intensidade variável a qualidade de grãos em termos de aparência. Apesar da redundância em alguns destes estudos é possível observar, na Tabela 1, a inclusão de muitos genes além dos oito revistos por BAO (2014: 239-278).

Aqui estão relatados seis genes relacionados com gessamento, sendo que a maioria está ligada de alguma forma com a síntese ou transporte de carboidratos. Além disso observou-se que a temperatura durante o desenvolvimento da semente é um importante fator para que ocorra esta anomalia.

O aumento na expressão de *chalk5*, estudado por LI et al. (2014: 318-326), teve como consequência um significativo aumento deste problema, o que parece ser explicado pelo fato desse gene codificar uma suposta H<sup>+</sup>-Pirofosfatase vacuolar que parece alterar a homeostase em relação ao pH.

Já a supressão da *isoamylase 1 (ISA1)* através de RNA de interferência aumentou o gessamento de grãos em até 20% se comparado ao controle (SUN, 2015). Segundo WANG (2015: 949-954), outro gene que também teve a redução da expressão associada ao aumento no gessamento de grãos é o *cyPPDK*, uma piruvato ortofosfato diquinase que parece sofrer uma enorme redução da sua atividade quando em elevadas temperaturas. Além disso, WOO et al. (2008: 190-204) ao estudar mutantes macho estéreis, demonstraram que uma única substituição na sequência da *UDP Glucose Pirofosforilase 1 (UGPase1)* é capaz de gerar tanto a macho-esterilidade como um maior desenvolvimento de grãos gessados.

A ativação das  $\alpha$ -amilases *Amy1A* e *Amy3E* foram relacionadas também com grãos gessados, porém, ao contrário do PPDK, que apresenta redução de atividade, nesse caso a presença de temperaturas elevadas durante o desenvolvimento dos grãos ativam essas  $\alpha$ -amilases, que começam a degradar o amido do endosperma promovendo o gessamento dos grãos.



# Congrega

## Urcamp 2016

**Tabela 1** - Tabela de genes relacionados com qualidade em termos de aparência.

<b>Nome comum</b>	<b>Cr.</b>	<b>GenBank</b>	<b>#MSU</b>	<b>#RAP-DB</b>	<b>Característica</b>	<b>Referência</b>
OsFBK12	3	AC144491	LOC_Os03g07530	Os03g0171600	tamanho de grão	CHEN et al., 2013: 1673-1685
FUWA	2		LOC_Os02g13950	Os02g0234200	forma de grão	CHEN et al., 2015: 427-438
FRRP1	10		LOC_Os10g41590	Os10g0565600	comprimento de grão	DU et al., 2016: e0150458
OsMKK4/SMG1	2		LOC_Os02g54600	Os02g0787300	tamanho de grão	DUAN et al., 2014: 547-557
GS3	3	DQ355996	Nenhum	Os03g0407400	comprimento de grão	FAN et al., 2006: 1164-1171
TIFY11b	3	AK067971	LOC_Os03g08330	Os03g0181100	tamanho de grão	HAKATA et al., 2012: 2129-2134
PGL2	2		LOC_Os02g51320	Os02g0747900	comprimento de grão	HEANG e SASSA, 2012: e31325
qGL3-1	3		LOC_Os03g44500	Os03g0646900	forma de grão	HU et al., 2012: 979-990
GS2	2		LOC_Os02g47280	Os02g0701300	tamanho de grão	HU et al., 2015: 1455-1465
TGW6	6	AB513135	LOC_Os06g41850	Os06g0623700	comprimento de grão	ISHIMARU, et al. 2013: 707-711
Rdd1	1	AP001383	LOC_Os01g15900	Os01g0264000	tamanho de grão	IWAMOTO, et al. 2009: 592-603
GS5	5	AK106800	LOC_Os05g06660	Os05g0158500	largura de grão	LI et al., 2011: 1266-1269
Chalk5	5	KJ363317	LOC_Os05g06480	Os05g0156900	gessamento de grão	LI et al., 2014: 398-404
OsAGSW1	5		LOC_Os05g25840	Os05g0323800	tamanho de grão	LI et al., 2015: 5691-5701
GLW2	2		LOC_Os02g47280	Os02g0701300	comprimento e largura de grão	LI et al., 2016: <i>in press</i>
Bg1-D	3		LOC_Os03g07920	Os03g0175800	tamanho de grão	LIU et al., 2015: 11102-11107
DSG1/OsMAPK6	6	NP_001056846.1	LOC_Os06g06090	Os06g0154500	tamanho de grão	LIU et al., 2015: 672-681
An-1	4		LOC_Os04g28280	Os04g0350700	comprimento de grão	LUO et al., 2013: 3360-3376
MHZ7/OsEIN2	7		LOC_Os07g06130	Os07g0155600	comprimento de grão	MA et al., 2013: 1830-1848



# Congrega

## Urcamp 2016

**Tabela 1 (continuação)** - Tabela de genes relacionados com qualidade em termos de aparência.

OsARG	4		LOC_Os04g01590	Os04g0106300	tamanho de grão	MA et al., 2013: 1830-1848
GL3.1	3		LOC_Os03g44500	Os03g0646900	comprimento de grão	QI et al., 2012: 1666-1680
DEP3	6		LOC_Os06g46350	Os06g0677000	forma de grão	QIAO et al., 2011: 1439-1449
qSS7	7		LOC_Os07g41200	Os07g0603300 ou	forma de grão	QIU et al., 2012: 1717-1726
				ou		
			LOC_Os07g41210	Os07g0603400		
spd6	6		LOC_Os06g04820	Os06g0140100	tamanho de grão	SHAN et al., 2009: 827-836
FLO2	4		LOC_Os04g55230	Os04g0645100	tamanho de grão	SHE et al., 2010: 3280-3294
qSW5	5	AB433345	LOC_Os05g09520	Os05g0187500	largura de grão	SHOMURA et al., 2008: 1023-1028
GLW7/OsSPL13	7	KT899581	LOC_Os07g32170	nenhum	comprimento de grão	SI et al., 2016: 447-456
GW2	2	EF447275	LOC_Os02g14720	Os02g0244100	largura de grão	SONG et al., 2007: 623-630
GW6/ OsgIHAT1	6		LOC_Os06g44100	Os06g0650300	tamanho de grão	SONG et al., 2015: 76-81
GS6	6		LOC_Os06g03710	Os06g0127800	largura de grão	SUN et al., 2013: 938-949
ISA1	8		LOC_Os08g40930	Os08g0520900	gessamento de grão	SUN et al., 2015: e0122013
PT2/OsGRF4	2		LOC_Os02g47280	Os02g0701300	forma de grão	SUN et al., 2016: <i>in press</i>
gw3.1/GS3	3	AB488612	Nenhum	Os03g0407400	comprimento de grão	TAKANO-KAI et al., 2009: 1323-1334
DSS1/CYP96B4	3		LOC_Os03g04680	Os03g0140400 ou	tamanho de grão	TAMIRU et al., 2015: 85-99
				Os03g0140300		
BU1	6	NM_001063738	LOC_Os06g12210	Os06g0226500	tamanho de grão	TANAKA et al., 2009: 669-680
GW8/OsSPL16	8		LOC_Os08g41940	Os08g0531600	largura de grão	WANG et al., 2012: 950-954



# Congrega

## Urcamp 2016

**Tabela 1 (continuação)** - Tabela de genes relacionados com qualidade em termos de aparência.

miRNA osa-MIR2923a					comprimento de grão e	WANG et al. 2013: 578-586
(putative)					relação comprimento-largura.	
GW7	7		LOC_Os07g41200	Os07g0603300	tamanho e forma de grão	WANG et al. 2015: 949-954
GL7	7	KP899557	LOC_Os07g41200	Os07g0603300	comprimento de grão	WANG et al. 2015: 944-948
cyPPDK	5	D87952	LOC_Os05g33570	Os05g0405000	gessamento de grão	WANG et al. 2015: 76-84
GW5	5	DQ991205	LOC_Os05g09520	Os05g0187500	largura de grão	WENG et al. 2008: 1199-1209
UGPase1	9		LOC_Os09g38030	Os09g0553200	gessamento de grão	WOO et al. 2008: 190-204
SGL	5		LOC_Os05g06280	Os05g0154700	comprimento de grão	WU et al. 2014: 235-44
OsFWL3	2	AK111738	LOC_Os02g36950	Os02g0580000	comprimento de grão	XU et al. 2013: 643-655
CYP78A13/BG2	7		LOC_Os07g41240	Os07g0603700	tamanho de grão	XU et al. 2015: 800-811
BSG1	2		LOC_Os02g56610	Os02g0811000	largura de grão	YAN et al. 2013: 275-283
qGL3/OsPPKL1	3		LOC_Os03g44500	Os03g0646900	comprimento de grão	ZHANG et al. 2012: 21534-21539
RAV6	2		LOC_Os02g45850	Os02g0683500	tamanho de grão	ZHANG et al. 2015: 2118-2128
miRNA OsmiR397		SRP026496			tamanho de grão	ZHANG et al. 2013: 848-852
qPE9-1	9		LOC_Os09g26999	Os09g0441900	comprimento de grão	ZHOU et al. 2009: 315-324
SLG7	7		LOC_Os07g41200	Os07g0603300	forma de grão	ZHOU et al. 2015: 1591-1599
EP2	7		LOC_Os07g42410	Os07g0616000	tamanho de grão	ZHU et al. 2010: 343-350
OsCEP6.1	8		LOC_Os08g37070	Os08g0475500	tamanho de grão	SUI et al. 2016: 228
PGL1	3		LOC_Os03g07510	Os03g0171300	comprimento de grão	HEANG e SASSA 2012: 133-141
α -amylase (Amy1A)	2	AK101744	LOC_Os02g52710	Os02g0765600	gessamento de grão	HAKATA et al. 2012: 1110-1117
α-amylase (Amy3E)	8	AK064300	LOC_Os08g36900	Os08g0473600	gessamento de grão	HAKATA et al. 2012: 1110-1117



# Congrega

## Urcamp 2016

Para forma, tamanho, comprimento, largura e relação comprimento-largura foram encontrados 50 estudos no Pubmed, porém o número de genes é inferior a este, uma vez que alguns autores identificam um mesmo gene em estudos independentes, como é o caso do *Os03g0407400*, relacionado com comprimento de grãos por FAN et al. (2006: 1164-1171) e TAKANO-KAI et al. (2009: 1323-1334). Já o *Os03g0646900* foi relacionado com o comprimento ou à forma de grãos por HU et al. (2012: 979-990), QI et al. (2012: 1666-1680) e ZHANG (2012: 21534-21539). O *Os02g0701300* foi relacionado ao tamanho, comprimento, largura e forma de grão por HU et al. (2015: 1455-1465), LI et al. (2016) e SUN et al. (2016: 938-949). O *Os07g0603300* foi relacionado à forma, tamanho e comprimento de grão por QIU et al. (2012: 1666-1680), WANG et al. (2015: 944-948), WANG et al. (2015: 76-84) e ZHOU et al. (2015: 1591-1599). Enquanto o *Os05g0187500* foi relacionado à largura por WENG et al. (2008: 1199-1209) e SHOMURA et al. (2008: 1023-1028).

Para um refinamento dos resultados obtidos até o momento se realizou a análise da expressão transcricional dos genes aqui descritos. Tal análise possibilitaria a detecção de quais os genes mais expressos na cariopse e, conseqüentemente, se determinar quais destes deveriam ter preferência para mais estudos.

### *Análise Transcricional*

O percentual de expressão potencial dos genes relacionados com aparência expressos na cariopse está ilustrado na Figura 1. Nesta figura os genes mais expressos estão destacados (\*), sendo estes os com maior potencial de serem utilizados em trabalhos futuros visando o melhoramento da qualidade em termos de aparência.





# Congrega

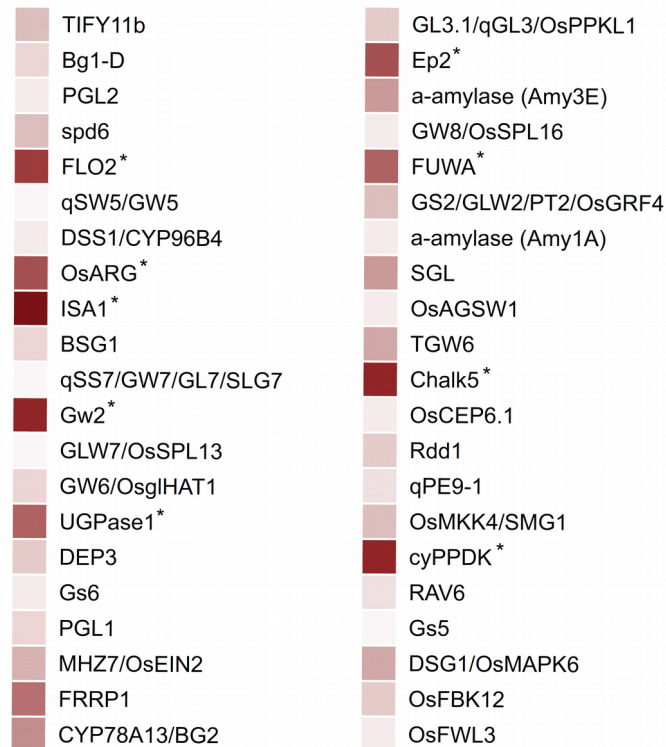
## Urcamp 2016

0% 100%



Percentual de Expressão Potencial

### Grão (Cariopse)



**Figura 1** - Gráfico *heat-map* da expressão transcricional de genes relacionados com qualidade de grão em termos de aparência na cariopse. Genes selecionados para análises futuras com base em seu maior nível de expressão estão marcados com \*.

Os genes *FLO2* (*LOC\_Os04g55230*); *OsARG* (*LOC\_Os04g01590*); *ISA1* (*LOC\_Os08g40930*); *GW2* (*LOC\_Os02g14720*); *UGPase1* (*LOC\_Os09g38030*); *EP2* (*LOC\_Os07g42410*); *FUWA* (*LOC\_Os02g13950*); *Chalk5* (*LOC\_Os05g06480*); *cyPPDK* (*LOC\_Os05g33570*) tiveram destaque na análise transcricional. O estudo destes deverá ser priorizado em um primeiro momento, bem como a análise de suas regiões regulatórias.

Como pudemos ver, muitos genes com efeitos variáveis foram identificados para aparência de grãos, em especial para o comprimento. Ainda assim mais estudos são necessários caso se queira entender todos os genes e variáveis envolvidas neste fenômeno genético complexo que é a qualidade de grãos.



#### 4 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Com base nos resultados obtidos foi possível concluir que os genes de maior interesse para estudos detalhados relativos a alterações metabólicas com influência na aparência de grãos são: *FLO2* (LOC\_Os04g55230); *OsARG* (LOC\_Os04g01590); *ISA1* (LOC\_Os08g40930); *GW2* (LOC\_Os02g14720); *UGPase1* (LOC\_Os09g38030); *EP2* (LOC\_Os07g42410); *FUWA* (LOC\_Os02g13950); *Chalk5* (LOC\_Os05g06480); *cyPPDK* (LOC\_Os05g33570). Mutantes destes genes já foram encontrados para os genes *FLO2*, *OsARG*, *GW2*, *EP2*, *Chalk5*, e *cyPPDK*, sendo estes os primeiros genes que deverão ser analisados mais detalhadamente.

#### 5 REFERÊNCIAS

- BAO, J. Genes and QTLs for rice grain quality improvement. **InTech–Open Science Open Mind**, p. 239-278, 2014.
- CHEN, J.; GAO, H.; ZHENG, X.M. et al. An evolutionarily conserved gene, *FUWA*, plays a role in determining panicle architecture, grain shape and grain weight in rice. **Plant Journal**, v. 83, n° 3, p. 427-438, 2015.
- CHEN, Y.; XU, Y.; LUO, W. et al. The F-box protein *OsFBK12* targets *OsSAMS1* for degradation and affects pleiotropic phenotypes, including leaf senescence, in rice. **Plant Physiology**, v. 163, n° 4, p. 1673-1685, 2013.
- DUAN, P.; RAO, Y.; ZENG, D. et al. *SMALL GRAIN 1*, which encodes a mitogen-activated protein kinase kinase 4, influences grain size in rice. **Plant Journal**, v. 77, n° 4, p. 547-557, 2014.
- DU, Y.; HE, W.; DENG, C. et al. Flowering-Related RING Protein 1 (*FRRP1*) Regulates Flowering Time and Yield Potential by Affecting Histone H2B Monoubiquitination in Rice (*Oryza sativa*). **PLoS One**, v. 11, n° 3, p. e0150458, 2016.
- FAN, C.; XING, Y.; MAO, H. et al. *GS3*, a major QTL for grain length and weight and minor QTL for grain width and thickness in rice, encodes a putative transmembrane protein. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 112, n° 6, p. 1164-1171, 2006.



# Congrega

## Urcamp 2016

FAO. Final 2012 data and preliminary 2013 data for 5 major commodity aggregates. Disponível em: < <http://faostat.fao.org/site/339/default.aspx>> Acesso em: 16 de setembro de 2015.

HAKATA, M.; KURODA, M.; MIYASHITA, T. et al. Suppression of alpha-amylase genes improves quality of rice grain ripened under high temperature. **Plant Biotechnology Journal**, v. 10, nº 9, p. 1110-1117, 2012.

HAKATA, M.; KURODA, M.; OHSUMI, A. et al. Overexpression of a rice TIFY gene increases grain size through enhanced accumulation of carbohydrates in the stem. **Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry**, v. 76, nº 11, p. 2129-2134, 2012.

HEANG, D.; SASSA. An atypical bHLH protein encoded by POSITIVE REGULATOR OF GRAIN LENGTH 2 is involved in controlling grain length and weight of rice through interaction with a typical bHLH protein APG. **Breeding Science**, v. 62, nº 2, p. 133-141, 2012.

HEANG, D.; SASSA, H. Antagonistic actions of HLH/bHLH proteins are involved in grain length and weight in rice. **PLoS One**, v. 7, nº 2, p. e31325, 2012.

HRUZ, T.; LAULE, O.; SZABO, G. et al. GENEVESTIGATOR V3: a reference expression database for the meta-analysis of transcriptomes. **Advances in bioinformatics**, v. 2008, 2008.

HU, J.; WANG, Y.; FANG, Y. et al. A Rare Allele of GS2 Enhances Grain Size and Grain Yield in Rice. **Molecular Plant**, v. 8, nº 10, p. 1455-1465, 2015.

HU, Z.; HE, H.; ZHANG, S. et al. A Kelch motif-containing serine/threonine protein phosphatase determines the large grain QTL trait in rice. **Journal Of Integrative Plant Biology**, v. 54, nº 12, p. 979-990, 2012.

ISHIMARU, K.; HIROTSU, N.; MADOKA, Y. et al. Loss of function of the IAA-glucose hydrolase gene TGW6 enhances rice grain weight and increases yield. **Nature Genetics**, v. 45, nº 6, p. 707-711, 2013.

IWAMOTO, M.; HIGO, K.; TAKANO, M. Circadian clock- and phytochrome-regulated Dof-like gene, Rdd1, is associated with grain size in rice. **Plant Cell And Environment**, v. 32, nº 5, p. 592-603, 2009.

LI, F. P.; YOON, M. Y.; LI, G. et al. Transcriptome analysis of grain-filling caryopses reveals the potential formation mechanism of the rice sugary mutant. **Gene**, v. 546, nº 2, p. 318-326, 2014.



- LI, S.; GAO, F.; XIE, K. et al. The OsmiR396c-OsGRF4-OsGIF1 regulatory module determines grain size and yield in rice. **Plant Biotechnology Journal**, 2016.
- LI, Y.; FAN, C.; XING, Y. et al. Natural variation in GS5 plays an important role in regulating grain size and yield in rice. **Nature Genetics**, v. 43, n° 12, p. 1266-1269, 2011.
- LI, Y.; FAN, C.; XING, Y. et al. Chalk5 encodes a vacuolar H(+)-translocating pyrophosphatase influencing grain chalkiness in rice. **Nature Genetics**, v. 46, n° 4, p. 398-404, 2014.
- LI, T.; JIANG, J.; ZHANG, S. et al. OsAGSW1, an ABC1-like kinase gene, is involved in the regulation of grain size and weight in rice. **Journal of Experimental Botany**, v. 66, n° 19, p. 5691-5701, 2015.
- LUO, J.; LIU, H.; ZHOU, T. et al. An-1 encodes a basic helix-loop-helix protein that regulates awn development, grain size, and grain number in rice. **Plant Cell**, v. 25, n° 9, p. 3360-3376, 2013.
- MA, B.; HE, S.J.; DUAN, K.X. et al. Identification of rice ethylene-response mutants and characterization of MHZ7/OsEIN2 in distinct ethylene response and yield trait regulation. **Molecular Plant**, v. 6, n° 6, p. 1830-1848, 2013.
- QI, P.; LIN, Y.S.; SONG, X.J. et al. The novel quantitative trait locus GL3.1 controls rice grain size and yield by regulating Cyclin-T1;3. **Cell Research**, v. 22, n° 12, p. 1666-1680, 2012.
- QIAO, Y.; PIAO, R.; SHI, J. et al. Fine mapping and candidate gene analysis of dense and erect panicle 3, DEP3, which confers high grain yield in rice (*Oryza sativa* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 122, n° 7, p. 1439-1449, 2011.
- QIU, X.; GONG, R.; TAN, Y. et al. Mapping and characterization of the major quantitative trait locus qSS7 associated with increased length and decreased width of rice seeds. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 125, n° 8, p. 1717-1726, 2012.
- SHAN, J.X.; ZHU, M.Z.; SHI, M. et al. Fine mapping and candidate gene analysis of spd6, responsible for small panicle and dwarfness in wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 119, n° 5, p. 827-836, 2009.
- SHE, K.C.; KUSANO, H.; KOIZUMI, K. et al. A novel factor FLOURY ENDOSPERM2 is involved in regulation of rice grain size and starch quality. **Plant Cell**, v. 22, n° 10, p. 3280-3294, 2010.



# Congrega

## Urcamp 2016

- SHOMURA, A.; IZAWA, T.; EBANA, K. et al. Deletion in a gene associated with grain size increased yields during rice domestication. **Nature Genetics**, v. 40, n° 8, p. 1023-1028, 2008.
- SI, L.; CHEN, J.; HUANG, X. et al. OsSPL13 controls grain size in cultivated rice. **Nature Genetics**, v. 48, n° 4, p. 447-456, 2016.
- SONG, X.J.; HUANG, W.; SHI, M. et al. A QTL for rice grain width and weight encodes a previously unknown RING-type E3 ubiquitin ligase. **Nature Genetics**, v. 39, n° 5, p. 623-630, 2007.
- SONG, X.J.; KUROHA, T.; AYANO, M. et al. Rare allele of a previously unidentified histone H4 acetyltransferase enhances grain weight, yield, and plant biomass in rice. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 112, n° 1, p. 76-81, 2015.
- SUI, Z.; WANG, T.; LI, H. et al. Overexpression of peptide-encoding OsCEP6.1 results in pleiotropic effects on growth in rice (*O. sativa*). **Frontiers in Plant Science**, v. 7, p. 228, 2016.
- SUN, W.; ZHOU, Q.; YAO, Y. et al. Identification of genomic regions and the isoamylase gene for reduced grain chalkiness in rice. **PLoS One**, v. 10, n° 3, p. e0122013, 2015.
- SUN, L.; LI, X.; FU, Y. et al. GS6, a member of the GRAS gene family, negatively regulates grain size in rice. **Journal of Integrative Plant Biology**, v. 55, n° 10, p. 938-949, 2013.
- WANG, C.; YE, J.; TANG, W. et al. Loop nucleotide polymorphism in a putative miRNA precursor associated with seed length in rice (*Oryza sativa* L.). **International Journal Of Biological Sciences**, v. 9, n° 6, p. 578-586, 2013.
- WANG, Y.; XIONG, G.; HU, J. et al. Copy number variation at the GL7 locus contributes to grain size diversity in rice. **Nature Genetics**, v. 47, n° 8, p. 944-948, 2015.
- WANG, Z.M.; LI, H.X.; LIU, X.F. et al. Reduction of pyruvate orthophosphate dikinase activity is associated with high temperature-induced chalkiness in rice grains. **Plant Physiology and Biochemistry**, v. 89, p. 76-84, 2015.
- WANG, S.; LI, S.; LIU, Q. et al. The OsSPL16-GW7 regulatory module determines grain shape and simultaneously improves rice yield and grain quality. **Nature Genetics**, v. 47, n° 8, p. 949-954, 2015.



- WENG, J.; GU, S.; WAN, X. et al. Isolation and initial characterization of GW5, a major QTL associated with rice grain width and weight. **Cell Research**, v. 18, n° 12, p. 1199-1209, 2008.
- WOO, M.O.; HAM, T.H.; JI, H.S. et al. Inactivation of the UGPase1 gene causes genic male sterility and endosperm chalkiness in rice (*Oryza sativa* L.). **Plant Journal**, v. 54, n° 2, p. 190-204, 2008.
- TAKANO-KAI, N.; JIANG, H.; KUBO, T. et al. Evolutionary history of GS3, a gene conferring grain length in rice. **Genetics**, v. 182, n° 4, p. 1323-1334, 2009.
- XU, F.; FANG, J.; OU, S.; GAO, S. et al. Variations in CYP78A13 coding region influence grain size and yield in rice. **Plant Cell And Environment**, v. 38, n 4, p. 800-811, 2015.
- XU, J.; XIONG, W.; CAO, B. et al. Molecular characterization and functional analysis of "fruit-weight 2.2-like" gene family in rice. **Planta**, v. 238, n° 4, p. 643-655, 2013.
- ZHANG, X.; WANG, J.; HUANG, J. et al. Rare allele of OsPPKL1 associated with grain length causes extra-large grain and a significant yield increase in rice. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 109, n° 52, p. 21534-21539, 2012.
- ZHANG, X.; SUN, J.; CAO, X. et al. Epigenetic Mutation of RAV6 Affects Leaf Angle and Seed Size in Rice. **Plant Physiology**, v. 169, n° 3, p. 2118-2128, 2015.
- ZHANG, Y.C.; YU, Y.; WANG, C.Y. et al. Overexpression of microRNA OsmiR397 improves rice yield by increasing grain size and promoting panicle branching. **Nature Biotechnology**, v. 31, n° 9, p. 848-852, 2013.
- ZHOU, Y.; MIAO, J.; GU, H. et al. Natural variations in SLG7 regulate grain shape in rice. **Genetics**, v. 201, n° 4, p. 1591-1599, 2015.
- ZHOU, Y.; ZHU, J.; LI, Z. et al. Deletion in a quantitative trait gene qPE9-1 associated with panicle erectness improves plant architecture during rice domestication. **Genetics**, v. 183, n° 1, p. 315-324, 2009.
- YAN, D.; ZHOU, Y.; YE, S. et al. Beak-shaped grain 1/TRIANGULAR HULL 1, a DUF640 gene, is associated with grain shape, size and weight in rice. **Science China Life Science**, v. 56, n° 3, p. 275-283, 2013.
- ZHU, K.; TANG, D.; YAN, C. et al. Erect panicle2 encodes a novel protein that regulates panicle erectness in indica rice. **Genetics**, v. 184, n° 2, p. 343-350, 2010.



LIU, L.; TONG, H.; XIAO, Y.; CHE, R.; XU, F.; HU, B.; LIANG, C.; CHU, J.; LI, J.; CHU, C. Activation of Big Grain1 significantly improves grain size by regulating auxin transport in rice. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 112, n° 35, p. 11102-11107, 2015.

LIU, S.; HUA, L.; DONG, S.; CHEN, H.; ZHU, X.; JIANG, J.; ZHANG, F.; LI, Y.; FANG, X.; CHEN, F. OsMAPK6, a mitogen-activated protein kinase, influences rice grain size and biomass production. **Plant Journal**, v. 84, n° 4, p. 672-681, 2015.

TAMIRU, M.; UN DAN, J.R.; TAKAGI, H.; ABE, A.; YOSHIDA, K.; UN DAN, J.Q.; NATSUME, S.; UEMURA, A.; SAITOH, H.; MATSUMURA, H.; URASAKI, N.; YOKOTA, T.; TERAUCHI, R. A cytochrome P450, OsDSS1, is involved in growth and drought stress responses in rice (*Oryza sativa* L.). **Plant Molecular Biology**, v. 88, n° 1-2, p. 85-99, 2015.

TANAKA, A.; NAKAGAWA, H.; TOMITA, C.; SHIMATANI, Z.; OHTAKE, M.; NOMURA, T.; JIANG, C.J.; DUBOUZET, J.G.; KIKUCHI, S.; SEKIMOTO, H.; YOKOTA, T.; ASAMI, T.; KAMAKURA, T.; MORI, M. BRASSINOSTEROID UPREGULATED1, encoding a helix-loop-helix protein, is a novel gene involved in brassinosteroid signaling and controls bending of the lamina joint in rice. **Plant Physiology**, v. 151, n° 2, p. 669-680, 2009.

SUN, P.; ZHANG, W.; WANG, Y.; HE, Q.; SHU, F.; LIU, H.; WANG, J.; WANG, J.; YUAN, L.; DENG, H. OsGRF4 controls grain shape, panicle length and seed shattering in rice. **Journal of Integrated Plant Biology**, 2016.

WANG, S.; WU, K.; YUAN, Q.; LIU, X.; LIU, Z.; LIN, X.; ZENG, R.; ZHU, H.; DONG, G.; QIAN, Q.; ZHANG, G.; FU, X. Control of grain size, shape and quality by OsSPL16 in rice. **Nature Genetics**, v. 44, n° 8, p. 950-954, 2012.

FAN, C.; XING, Y.; MAO, H.; LU, T.; HAN, B.; XU, C.; LI, X.; ZHANG, Q. GS3, a major QTL for grain length and weight and minor QTL for grain width and thickness in rice, encodes a putative transmembrane protein. **Theoretical Applied Genetics**, v. 112, n° 6, p. 1164-1171, 2006.

WU, T.; SHEN, Y.; ZHENG, M.; YANG, C.; CHEN, Y.; FENG, Z.; LIU, X.; LIU, S.; CHEN, Z.; LEI, C.; WANG, J.; JIANG, L.; WAN, J. Gene SGL, encoding a kinesin-like protein with transactivation activity, is involved in grain length and plant height in rice. **Plant Cell Reports**, v. 33, n° 2, p. 235-244, 2014.