



Realização:



Apoio:

**XVII CIC
X ENPOS**Conhecimento sem fronteiras
XVII Congresso de Iniciação Científica
X Encontro de Pós-Graduação
11, 12, 13 e 14 de novembro de 2008

HOMOLOGIA DE GENES DA FAMÍLIA NRAMP DE ARROZ ENTRE ESPÉCIES DA FAMÍLIA POACEAE

Autor(es): BERVALD, Clauber Mateus Priebe; MAIA, Luciano Carlos da; AHLERT, Renata Juliana, CARVALHO, Fernando Irajá Félix de, COSTA de OLIVEIRA, Antonio

Apresentador: Clauber Mateus Priebe Bervald

Orientador: Antonio Costa de Oliveira

Revisor 1: Denise Colares

Revisor 2: Geri Eduardo Meneghello

Instituição: UFPEL

Resumo:

O entendimento do metabolismo de ferro em arroz para o desenvolvimento de genótipos tolerantes à toxidez a este metal como também de genótipos acumuladores no caso da biofortificação é relevante. A homeostasia de ferro na planta é muito complexa, pois várias famílias de genes estão envolvidas no balanço desse nutriente. Entre essas, os genes Nramp (Natural resistance associated macrophage proteins) codificam para proteínas integrais de membrana que constituem uma família altamente conservada, pois estão envolvidas no transporte de ferro em vários organismos. A distância evolutiva entre duas ou mais espécies pode ser medida através do alinhamento de seqüências, baseado na homologia das seqüências comparadas. Nesse sentido, oito genes Nramp de *Oryza sativa* foram alinhados contra bancos de dados de seqüências de ESTs de *Avena sativa* (4586), *Hordeum vulgare* (123351), *Triticum aestivum* (41256), *Triticum monococcum* (7056), *Triticum turgidum* (7803) e *Zea mays* (297193), obtidas do National Center for Biotechnology Information (NCBI), para verificar a existência de seqüências homólogas aos genes Nramp de *Oryza sativa*. Os valores entre parênteses correspondem ao número de seqüências ESTs de cada espécie. O procedimento foi feito através do uso do programa BLAST2 (Altschul et al., 1990), considerando como seqüências homólogas aquelas com e-value menor que e^{-10} . Nos resultados foram encontradas 38 seqüências homólogas em *Zea mays*, 22 para em *Hordeum vulgare*, seis em *Triticum aestivum* e duas seqüências em *Avena sativa*. Todas as seqüências homólogas encontradas apresentaram valores de e-value significativos ($<e^{-10}$). Para todos os 8 loci de Nramp de *O. sativa* foram encontradas seqüências homólogas em *Z. mays*, para 7 loci em *H. vulgare*, e 6 loci em *T. triticum*, seguidas pelas demais espécies. Os resultados mostraram a existência de seqüências homólogas entre as espécies. No entanto é importante considerar que as espécies que apresentam o maior número de homólogos possuem também o maior número de seqüências nos bancos de dados, podendo a pouca ou nenhuma homologia encontrada para as demais espécies ser explicada pelo fato da disponibilidade de um menor número de seqüências nos bancos de dados. A maior quantidade de homólogos encontrados nas espécies com maior número de seqüências disponíveis pode ser também devido à redundância no banco de dados de ESTs. As seqüências encontradas poderão ser usadas no entendimento dos mecanismos evolutivos atuantes nesta família.