



B252

DETERMINAÇÃO DA LOCALIZAÇÃO SUBCELULAR DOS FATORES REGULADORES DA TRANSCRIÇÃO DO TIPO bZIP ATbZIP76 E ATbZIP78 DE *ARABIDOPSIS THALIANA*

Amanda Bortolini Silveira (Bolsista PIBIC/CNPq), Luiz Gustavo Guedes Corrêa e Prof. Dr. Michel Georges Albert Vincentz (Orientador), Instituto de Biologia - IB, UNICAMP

Fatores reguladores de transcrição desempenham um importante papel no crescimento e desenvolvimento de todos os organismos. Fatores de transcrição do tipo bZIP são caracterizados por um motivo básico de ligação ao DNA e localização nuclear, e por um zíper de leucinas, relacionado a dimerização. Mostramos que o genoma de *Arabidopsis thaliana* codifica para 77 fatores de transcrição do tipo bZIP, que foram agrupados em 11 grupos de genes homólogos de mono e eudicotiledôneas. O Grupo E é formado por dois Possíveis Grupos de genes Ortólogos de mono e eudicotiledôneas, PoGO E1 e PoGO E2, sugerindo que este grupo representa duas funções ancestrais importantes entre angiospermas. Membros do PoGO E1 apresentam como particularidade um motivo básico possivelmente alterado para uma seqüência de localização nuclear bipartida característica de fatores bZIP. Iniciamos a caracterização funcional dos membros do PoGO E1, procurando inicialmente avaliar a localização subcelular de duas proteínas de *Arabidopsis thaliana* pertencentes a este grupo, *AtbZIP76* e *AtbZIP78*. Para isto, fusões traducionais entre os cDNAs de *AtbZIP76* e *AtbZIP78* com o gene marcador "Red Fluorescent Protein" (RFP) foram obtidas e utilizadas na determinação da localização subcelular dessas proteínas em um sistema de expressão transiente em células de cebola. Os resultados indicam que estes fatores estão sendo direcionados ao núcleo, o que coloca em dúvida a real necessidade do domínio bipartido de localização nuclear para o correto endereçamento destes fatores.

BZIP - Regulação da transcrição - RFP