



B254

**UTILIZAÇÃO DOS DADOS “EXPRESSED SEQUENCE TAG” PARA DEFINIR GRUPOS ORTÓLOGOS DE FATORES DE REGULAÇÃO DA TRANSCRIÇÃO DO TIPO NAC DE ANGIOSPERMAS**

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

A identificação de grupos de genes ortólogos a partir de várias linhagens evolutivas permite racionalizar os estudos evolutivos e funcionais de proteínas homólogas. Dentro deste contexto, o projeto apresentado visa contribuir para um melhor conhecimento da evolução e função dos fatores de regulação de transcrição do tipo NAC em angiospermas. Os fatores de transcrição do tipo NAC são específicos de plantas, possuem um motivo formado por uma folha torcida beta, rodeada por elementos helicoidais e são expressos em vários estágios de desenvolvimento da planta, em embriões, raiz e flores e estão envolvidos em processos de desenvolvimento e morfogênese e na resposta a stress. O trabalho estabeleceu um protocolo de interface computacional que permitiu integrar os dados obtidos com os as informações dos bancos de dados de “Expressed Sequence Tags” (ESTs) para aumentar a resolução das relações evolutivas de fatores NAC e dos “Possíveis Grupo de Ortólogos” (PoGOs) de genes de NAC de angiospermas. Foi observado que o conjunto completo de fatores de transcrição do tipo NAC apresenta três motivos/domínios conservados compostos por 82 aminoácidos. Foram encontrados 23 grupos de genes NAC, os quais se subdividem em 14 PoGOs e 32 grupos de parálogos para *Arabidopsis thaliana* e *Oriza sativa*.

NAC - Regulação - Filogenia