



B0404

ESTRUTURA E ORGANIZAÇÃO DAS FAMÍLIAS MULTIGÊNICAS DAS PROLAMINAS REVELAM NOVAS RELAÇÕES FILOGENÉTICAS ENTRE MILHO, SORGO, CANA E COIX

Rafael Soares Corrêa de Souza, Thais Rezende e Silva Figueira e Prof. Dr. Paulo Arruda (Orientador), Instituto de Biologia - IB, UNICAMP

As prolaminas constituem o grupo de proteínas de reserva mais abundante nas sementes de cereais. Utilizadas como fonte de nitrogênio, enxofre e carbono pelo embrião durante os estágios iniciais de desenvolvimento, as prolaminas são codificadas por genes bastante conservados entre as gramíneas e têm sido utilizadas como um bom modelo para estudos da regulação da expressão gênica e da evolução dessas espécies de plantas. Classificadas de acordo com a solubilidade em solução alcoólica, as prolaminas são divididas em α -, β -, γ -, e δ -prolaminas. Dentre essas classes, as α -prolaminas compõe a maior parte das proteínas de reserva das sementes das gramíneas incluindo milho, cana-de-açúcar, sorgo e coix. As α -prolaminas são codificadas por famílias multigênicas que variam de número e diversidade de espécie para espécie. Neste trabalho, estamos reavaliando as sequências que codificam as α -prolaminas e comparando sua estrutura e organização em milho, cana-de-açúcar, sorgo e coix, bem como analisando seu perfil de expressão através de eletroforese bidimensional. Através de sequências depositadas no GenBank criamos primers específicos e degenerados que nos permitiram amplificar e sequenciar todos os genes codificadores de α -prolaminas em Coix. O alinhamento e estudo filogenético da sequência de aminoácidos revelaram a existência de α -prolaminas em Coix até então não documentadas, o que muda a hipótese de evolução dessas proteínas nos grupos de milho, cana-de-açúcar, sorgo e coix.

Prolaminas - Gramíneas - Filogenia