

Programa Institucional de Bolsas
de Iniciação Científica

24 a 26 outubro de 2012

Pró-Reitoria de Pesquisa - Pibic/CNPq
Pró-Reitoria de Graduação - SAE/ Unicamp



B0445

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

Rafael Soares Corrêa de Souza (Bolsista FAPESP) 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 altamente 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. As prolaminas são classificadas, de acordo com a solubilidade, em α -, β -, δ -, e γ -prolaminas. As α -prolaminas são compostas por repetições em tandem de domínios α -hélice flanqueados por resíduos de glutamina. O número e a organização desses domínios α -hélice determinam a que classe pertencem, sendo as mais estudadas, a classe de 19 e 22kDa. 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. Como passo inicial, propôs-se identificar e analisar todas as α -prolaminas presentes em coix, comparando-as com aquelas já descritas nos outros grupos.

Prolaminas - Filogenia - Evolução