

PROSPECÇÃO DE GENES DE ALTA QUALIDADE NUTRICIONAL EM GRAMÍNEAS

Carneiro, N. P (1); Carneiro, A. A (1); Lana, J. G. P.(2); 1. Pesquisador(a) Embrapa Milho e Sorgo; 2. Bolsista Projeto McKnight: andreac@cnpms.embrapa.br

A qualidade nutricional do grão de milho é baixa uma vez que suas proteínas de reserva são deficientes nos principais aminoácidos essenciais para a nutrição humana e de animais monogástricos. Os genes que codificam para essas proteínas são expressos de maneira específica e em altos níveis no endosperma e, por esta razão, constituem sistemas ideais para estudos de regulação temporal e espacial de expressão gênica. Considerando o alto grau de sintonia entre os genomas de várias espécies de gramíneas e as evidências de que genes que codificam proteínas de reserva e seus elementos regulatórios foram conservados durante a evolução de várias espécies desta família (como milho, sorgo, teosinto, tripsacum, milheto e outras), há possibilidades de se identificar em espécies selvagens, genes e seqüências regulatórias de interesse para o melhoramento da qualidade nutricional de cereais. Este projeto teve por objetivo identificar genes expressos em grãos de teosinto e tripsaco, ricos em aminoácidos essenciais, visando sua utilização na geração de plantas de milho transgênicas com elevado valor nutricional. Foram feitas bibliotecas de cDNA de grãos em desenvolvimento de teosinto e de tripsaco e, cerca de 100 clones de cada biblioteca foram seqüenciados. Os resultados demonstram que o seqüenciamento randômico para identificação de genes abundantes é válido. As proteínas de reserva mais freqüentes foram de 22 Kdal seguidas pelas de alfas de 19Kdal, beta de 15 Kda e as deltas de 10 Kdal nas duas espécies estudadas. Apesar da grande abundância das gama zeínas no endosperma do milho não foram identificadas essas proteínas de reserva no teosinto e tripsaco. As análises também demonstraram que as seqüências obtidas dessas duas bibliotecas de teosinto e tripsaco não foram suficientemente longas para determinar conteúdo aminoacídico. Seqüenciamento em ambas as direções estão sendo realizadas nesse momento para confirmar esses resultados. Projeto financiado pelo Prodetabe e FAPEMIG

X Congresso Brasileiro de Fisiologia Vegetal
XII Congresso Latino Americano de Fisiologia Vegetal



Recife

11

