

VARIABILIDADE EM FAMÍLIAS GÊNICAS QUE CODIFICAM
PROTEÍNAS DO MILHO RICAS EM AMINOÁCIDOS ESSENCIAIS.*

Barduche, D.¹; Carvalho, M. E.²; Paiva, E.³;
Vasconcelos, M. J. V.³ e Lopes, M. A.³

O grande progresso experimentado pela Biologia Molecular na última década tem permitido um significativo avanço no conhecimento dos mecanismos moleculares que regulam a expressão temporal e espacial de genes durante o desenvolvimento da planta. Este conhecimento tem resultado em procedimentos eficientes para análise de proteínas e ácidos nucleicos e, mais recentemente, em técnicas para manipulação de genes e obtenção de plantas transgênicas. As proteínas do grão do milho têm sido um dos sistemas preferidos para estudos a nível molecular em plantas. Os genes que codificam muitas destas proteínas são expressos de maneira específica e em altos níveis no endosperma e, por esta razão, tornaram-se paradigmas para estudos de regulação temporal e espacial de expressão gênica. O presente trabalho teve por objetivo utilizar o acervo de conhecimentos acerca de genes expressos no endosperma visando buscar conhecimentos que permitam o aumento, através de seleção, do acúmulo de polipeptídeos que contribuem para a qualidade nutricional do grão. Variabilidade para famílias gênicas que codificam algumas proteínas ricas em aminoácidos essenciais foi analisada pela técnica de "Southern blots" e posteriormente comparada com variabilidade no acúmulo dos respectivos polipeptídeos no endosperma. Dentre os genes avaliados estão aqueles que codificam a proteína delta-zeína, que contém 23% de metionina, mas é acumulada no endosperma em níveis muito baixos (2-3% da proteína total do grão); genes que codificam a proteína beta-zeína (7% de metionina); e finalmente genes para a proteína EF1-alfa (elongation factor-1, alpha subunit), que contém 10% de lisina e grande variabilidade genética para acúmulo no endosperma do milho. O melhor conhecimento da complexidade genética e da expressão destas famílias gênicas, poderá num futuro próximo, levar a novas estratégias de seleção de plantas capazes de produzir grandes quantidades de proteínas ricas em aminoácidos essenciais.

* Apoio financeiro: PADCT-FINEP e CNPMS/EMBRAPA

¹ Bolsista de DTI/RHAE/CNPq

² Bolsista de Apoio Técnico, CNPq

³ Pesquisadores do CNPMS/EMBRAPA

Revisores: Sidney Neto Parentoni (CNPMS/EMBRAPA)

Paulo César Magalhães (CNPMS/EMBRAPA)