

### Quantificação das proteínas de reserva total e frações protéicas de linhagens interespecíficas de arroz

**Karina Freire d'Eça Nogueira Santos**<sup>1</sup>, Ricardo Diógenes DiasSilveira<sup>2</sup> Claudia Cristina Garcia Martin Didonet<sup>3</sup>, Claudio Brondani<sup>4</sup>  
<sup>1</sup>Estudante de mestrado(UFG) e estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Rodovia GO-462 km 12 Zona Rural, Santo Antônio de Goiás-GO;(62) 3533-2128; karinadeca@hotmail.com; <sup>2</sup>Mestre em biologia molecular e celular,UFG, Goiânia-GO; <sup>3</sup>Prof. Dr<sup>a</sup>, UEG, Anápolis-GO; <sup>4</sup>Pesquisador Embrapa Arroz e Feijão, Goiânia-GO

Este trabalho objetivou quantificar as proteínas de reserva total e as frações protéicas albumina, globulina, prolamina e glutelina presentes no grão de 34 linhagens interespecíficas do cruzamento entre a espécie silvestre de arroz *Oryza glumaepatula* RS-16 e a cultivar *Oryza sativa* BG 90-2 pelo método de Bradford (1979). Os valores dos teores protéicos totais e das frações protéicas de todas as linhagens apresentaram, na análise de variância, uma diferença altamente significativa entre os genótipos. A linhagem CNA10851 apresentou o maior teor de proteína total (11,9%) e a linhagem CNA10875 apresentou o menor teor protéico (4,9%). Entre os parentais, o RS-16 destacou-se por apresentar o maior teor de proteína total (14%) enquanto o BG 90-2 apresentou 10%. Com relação às análises das frações protéicas a linhagem CNA10872 apresentou o maior teor de albumina (6,8%) e a CNA10870 apresentou o menor teor (1,6%). A linhagem CNA10851 apresentou o maior teor de globulina (13,3%) e o menor teor para a CNA10883 (6,4%). O maior teor de prolamina foi identificado para a CNA10852 (9,2%) e o menor teor para CNA10876 (5,2%). Porém para a fração protéica glutelina, a mais abundante no arroz, o maior teor observado foi para a linhagem CNA10868 (84,2%) e o menor teor para a CNA10851 (74,7%). Entre os genitores, o BG90-2 apresentou teores mais elevados para albumina (4,7%), globulina (7,6%) e prolamina (6,9%) enquanto o RS-16 apresentou respectivamente 3,6%, 6,2% e 5,4%. As linhagens interespecíficas apresentaram maiores teores destas frações quando comparados aos seus parentais, exceto para a fração glutelina, que foi mais elevado para o RS-16 (84,8%), enquanto o BG 90-2 apresentou 80,8%. Estes resultados indicam claramente a importância da utilização de linhagens interespecíficas como fonte de variabilidade genética para aumentar o teor protéico do arroz cultivado, enriquecendo a dieta alimentar de grande parte da população brasileira.

**Palavras-chave:** *Oryza glumaepatula*, proteína de reserva, albumina, globulina, prolamina e glutelina.

**Órgão financiador:** Embrapa Arroz e Feijão

### Regulação da expressão dos genes *E2F* em arroz em resposta à radiação UV

Rafael Rauber<sup>1</sup>, Andréia Caverzan<sup>2</sup>, Carolina Werner Ribeiro<sup>2</sup>, **Márcia Margis-Pinheiro**<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Rio Grande do Sul – Departamento de Genética, Porto Alegre – RS, marcia.margis@ufrgs.br, (51)3308-9814;

<sup>2</sup>Universidade Federal do Rio Grande do Sul-PPGBCM

A produtividade agrícola é afetada pelas condições ambientais adversas que podem provocar grandes perdas. Vários desses estresses afetam a integridade do DNA diretamente, tais como radiações ionizantes e ultravioleta (UV-A e UV-B). Além disso, outros estresses ambientais como temperatura extrema, déficit de água, etc., que produzem espécies reativas de oxigênio (ERO) também podem, indiretamente danificar o DNA. Em resposta, são ativadas complexas redes de sinalização visando bloquear o efeito provocado por esses estressores. Os componentes de percepção e sinalização do estresse genotóxico que são ativados nas plantas em resposta a esses estresses são ainda pouco conhecidos. Em mamíferos, os fatores de transcrição *E2F* têm sido muito estudados. Estes apresentam similaridades entre plantas e mamíferos, tanto em nível estrutural quanto funcional. A família gênica *E2F* possui membros que desempenham funções diversas tais como a progressão do ciclo celular, diferenciação e apoptose. Neste trabalho analisamos o padrão de expressão dos genes *E2F* em arroz (*Oryza sativa*, L.) em resposta à radiação UV. Plantas de arroz foram submetidas à radiação UV-B por 4 horas enquanto plantas controles, não irradiadas, foram mantidas sob condições normais de cultivo. Após o tratamento, foram realizadas as extrações de RNA e subsequente síntese de cDNAs. Oligonucleotídeos iniciadores específicos para sete genes pertencentes à família gênica das proteínas *E2F* foram sintetizados e utilizados em experimentos de PCR quantitativo em tempo real (qPCR). Os resultados indicaram que todos os genes da família *E2F* apresentaram expressão aumentada em resposta a este tipo de estresse genotóxico, e que esta expressão está correlacionada com a indução de genes de reparo nas plantas tratadas, sugerindo um papel dessa família gênica na sinalização das respostas ao dano no DNA.

**Palavras-chave:** *E2F*, Arroz, Expressão Gênica, Estresse abiótico, UV-B

**Órgão Financiador:** CNPq

### Caracterização molecular de uma proteína rica em prolina (PRP) em *Glycine max* (L.) Merr.

**Rafael R. de Oliveira**<sup>1</sup>, Lauro B. Neto<sup>1</sup>, Maria H.B. Zanettini<sup>1</sup>, Luciane M.P. Passaglia<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Genética/UFRGS, Av. Bento Gonçalves 9500, Porto Alegre-RS, Brasil, fone (51) 33089830, e-mail: rafa\_rdo@yahoo.com.br

Os estresses abióticos, tais como a seca, a salinidade e as temperaturas extremas são a causa primária de quebras de safra na agricultura mundial, reduzindo a produção das principais plantações em mais de 50%. Dentre os estresses citados, a seca é um dos principais responsáveis pelas perdas na produção, mesmo que as plantas tenham desenvolvido complexas vias metabólicas para resistirem à falta de água. A Proteína Rica em Prolina (sbPRP) responde ao estresse hídrico aumentando seu nível de expressão em plântulas de soja submetidas a seca. Com o objetivo de entender a atuação dessa proteína na adaptação fisiológica da soja pra resistência à seca, a região codificadora do gene correspondente à Proteína Rica em Prolina (sbPRP) foi isolada por *pcr* a partir do dna total de *Glycine max*, variedade IAS5, utilizando-se iniciadores específicos. O fragmento amplificado foi clonado em pGEM-T Easy e seqüenciado. O alinhamento da seqüência obtida com as disponíveis no genbank, através do programa Blastn, confirmou a clonagem da região correspondente à sbPRP. Através do sistema Gateway® foram obtidas construções para super-expressão dessa proteína, sob regulação do promotor 35S do vírus mosaico da couve-flor, e também para o silenciamento desta, através de RNA de interferência. Conjuntos embriogênicos somáticos da cultivar IAS-5 foram bombardeados com as construções plasmidiais e transferidos para meio seletivo contendo higromicina (marca de seleção do plasmídeo). Atualmente eles se encontram na fase de regeneração. As plantas transgênicas obtidas serão submetidas a estresse hídrico, bem como serão realizadas as devidas análises moleculares dos transformantes das gerações  $t_0$ ,  $t_1$  e  $t_2$ .

**Palavras-chave:** *Glycine max*, PRP, silenciamento, RNAi, super-expressão

**Órgão Financiador:** CNPq, GENOSOJA

### Redução na expressão do transportador de sacarose afeta a sinalização ao ABA em células guarda

Daniela Pereira Pinheiro<sup>1</sup>, **Werner Camargos Antunes**<sup>2</sup>, Danilo de Menezes Daloso<sup>1</sup>, Marcelo Ehlers Loureiro<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Biologia Vegetal, Viçosa/MG; <sup>2</sup>Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Biologia Vegetal, Pós-graduação em Fisiologia Vegetal, Viçosa/MG. Tel: (31) 3899 2051. wcantunes@yahoo.com.br

Resultados de nosso grupo mostram que a sacarose tem um importante papel osmo-regulatório nas células-guarda e que mudanças nos teores deste açúcar poderiam ser originadas de alterações no seu transporte, do apoplasto para o simplasto dessas células. O objetivo deste trabalho foi caracterizar a resposta de plantas transgênicas de *Nicotiana tabacum* com redução na expressão do transportador de sacarose em células-guarda em resposta ao ácido abscísico (ABA), peróxido de hidrogênio ( $H_2O_2$ ) e óxido nítrico (NO). Em folhas destacadas de tabaco de duas linhagens (L6 e L9) confrontada com folhas da planta selvagem não transformada (WT) submetidos a diferentes tratamentos, avaliando-se os parâmetros de fotossíntese líquida (A), condutância estomática ( $g_s$ ) e transpiração (E). As linhagens apresentaram menor  $g_s$  e A que as plantas não-transformadas, mantendo as folhas isoladas o mesmo comportamento que folhas não destacadas. O  $H_2O_2$  é um dos mensageiros secundários na cascata de sinalização do ABA que promove o fechamento estomático e, por isso, foi efetivo em reduzir  $g_s$  tanto do WT quanto da linhagem (L6). Porém, a linhagem L9 foi menos sensível à ação do  $H_2O_2$  em reduzir a abertura estomática. O SNP (liberador de NO) e o PTIO (removedor de NO) não induziram nenhum efeito nos genótipos. O ABA foi efetivo em promover o fechamento do poro estomático em todos os genótipos, indistintamente. Estes resultados sugerem que o efeito da redução do transporte de sacarose na célula guarda possa estar afetando a via de sinalização do ABA, considerando as diferenças em sensibilidades ao peróxido de hidrogênio e que o NO não promove alterações na condutância estomática no sistema experimental utilizado. O fato de que ABA não tenha produzido resposta diferencial pode estar associado a dose utilizada, sendo necessários mais estudos para caracterizar a interação entre o metabolismo de sacarose e a sinalização ao ABA.

**Palavras-chave:** Transportador de sacarose, células-guarda, ABA, sacarose.

**Órgãos financiadores:** FAPEMIG e CNPq