



## BUSCA DE REGIÕES HOMÓLOGAS AOS GENES DA FAMÍLIA *YELLOW STRIPE* DO ARROZ NO GENOMA DE ESPÉCIES DA FAMÍLIA POACEAE

BERVALD, Claubert Mateus Priebe<sup>1\*</sup>; MAIA, Luciano Carlos da<sup>1</sup>; AHLERT, Renata Juliana<sup>1</sup>, CARVALHO, Fernando Irajá Félix de<sup>1</sup>, COSTA de OLIVEIRA, Antonio<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Centro de Genômica e Fitomelhoramento FAEM/UFPEL

\*claubermateus@yahoo.com.br

### 1. INTRODUÇÃO

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um dos cereais mais importantes no mundo e seu cultivo ocorre em todos os continentes. Além disto, tem destaque por ser um alimento nutritivo, rico em carboidrato e também por participar da dieta de mais da metade da população mundial (Abadie et al., 2005).

Uma das principais características do arroz irrigado é a manutenção de uma lâmina de água sobre o solo durante a maior parte do seu desenvolvimento. Em solos inundados, como no cultivo de arroz, a provável presença de óxidos de ferro amorfos e o baixo potencial redox do meio promovem um aumento nas quantidades de ferro ( $Fe^{2+}$ ) em solução, atingindo níveis que podem ser tóxicos às plantas cultivadas neste ambiente. O ferro tem como principal função ativar enzimas e transportadores de elétrons (Taiz, 2004), participando em processos fundamentais como fotossíntese, respiração, fixação de nitrogênio, síntese de DNA e em grande parte das reações bioquímicas, tanto na produção como consumo de oxigênio (Briat, 1995, 1997). No entanto, as plantas têm que manter a homeostasia de ferro, fornecendo as quantidades necessárias do micronutriente e ao mesmo tempo prevenindo condições de excesso do cátion interno (Briat and Lobréaux, 1997, Gruzak et al., 1999).

Existem várias famílias de genes envolvidas no balanço de ferro nos vegetais, entre elas, têm-se a família *Yellow Stripe* que é um transportador específico de ferro sem necessidade de redução extracelular (Curie et al., 2001).

O pré-suposto que a família *Poaceae* tem um ancestral comum que iniciou sua divergência evolucionária a cerca de 60 milhões de anos, implica em considerar que possivelmente outras gramíneas de interesse agrônomo, que pertencem ao mesmo grupo, contenham esses mesmos genes envolvidos com o transporte de ferro. As ferramentas de bioinformática e biologia molecular têm auxiliado significativamente na busca de respostas para o entendimento de determinados processos e funções biológicas. Uma destas ferramentas é o alinhamento de seqüências que pode ser utilizado para medir a distância evolutiva entre duas ou mais espécies, baseado na homologia das seqüências comparadas.

Portanto, este estudo teve como objetivo de buscar seqüências homólogas a família de genes *Yellow Stripe* em algumas espécies gramíneas.

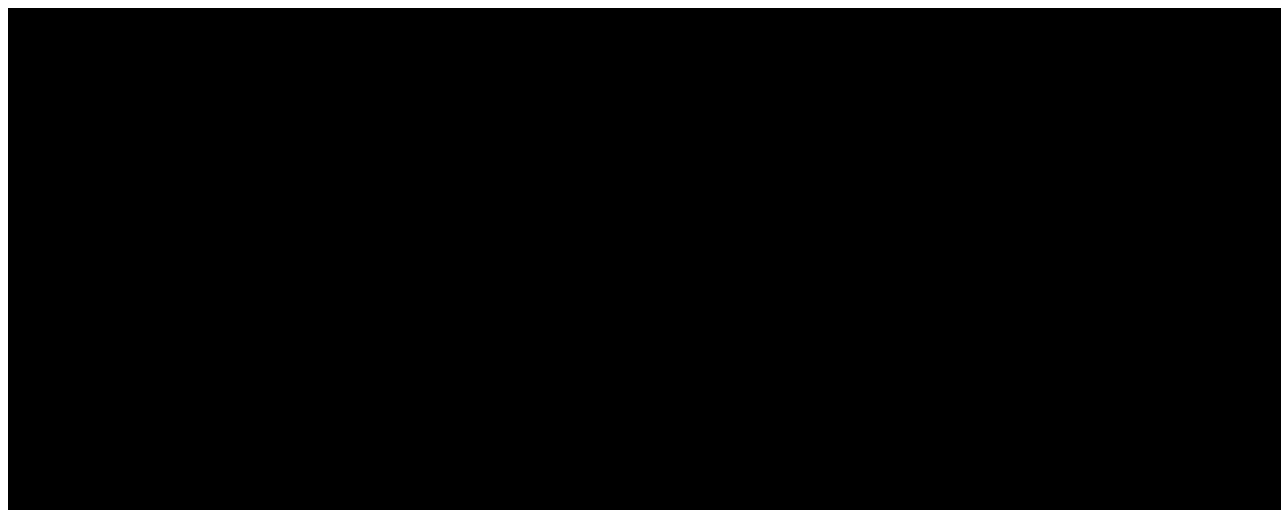
### MATERIAIS E MÉTODOS

A família *Yellow Stripe* possui 18 genes apresentando uma variação de 821 a 6875 pares de bases. Os genes *Yellow Stripe* de *Oryza sativa* foram obtidos do NCBI, e alinhados contra bancos de dados de sequências de ESTs de *Avena sativa* (4586), *Hordeum vulgare* (123351), *Triticum aestivum* (41256), *Triticum monococcum* (7056), *Triticum turgidum* (7803) e *Zea mays* (297193), disponíveis na página do NCBI. Os valores entre parênteses correspondem ao número de seqüências ESTs de cada espécie. O procedimento foi feito através do uso do programa BLAST2 (Altschul et al., 1990), considerando como seqüências homólogas aquelas com e-value menor que  $e^{-10}$ .

## RESULTADOS

Na Tabela 1 são apresentados os resultados das seqüências homólogas encontradas nas espécies gramíneas. Foram encontradas 143 seqüências homólogas em *Z. mays*, 103 em *H. vulgare*, 25 em *T. aestivum*, 4 em *T. monococcum* e 2 em *A. sativa*.

**Tabela 1.** Seqüências homólogas à família de genes *Yellow Stripe* do arroz encontradas no genoma de espécies Poaceae.



Nas espécies *Z. mays*, *H. vulgare* e *T. aestivum* foram encontradas o maior número de seqüências homólogas a genes *Yellow Stripe* de arroz. Para 16 loci em *Z. mays* foram encontradas seqüências homólogas a *O. sativa*, 13 loci em *T. aestivum*, 12 loci em *H. vulgare*, seguidos pelas outras espécies em menor número. Todas as seqüências homólogas encontradas apresentaram valores de e-value significativos ( $<e^{-10}$ ), mostrando que os alinhamentos não foram aleatórios.

Os resultados evidenciam a existência de seqüências homólogas conservadas entre as espécies gramíneas, no entanto é importante apontar que as espécies com o maior número de seqüências homólogas encontradas possuem também o maior número de seqüências nos bancos de dados, podendo a pouca ou nenhuma homologia encontrada para as demais espécies ser explicada pelo fato da disponibilidade de um menor número de seqüências nos bancos de dados. Porém, a maior quantidade de homólogos encontrados nas espécies com maior número de seqüências disponíveis pode ser também devido à redundância no banco de dados ESTs.

Possivelmente algumas das seqüências homólogas encontradas poderão ser utilizadas como marcador e serem testadas nas populações dessas espécies.

## CONCLUSÃO

Existem seqüências homólogas aos genes de ferro *Yellow Stripe* de arroz que estão conservadas entre as espécies, permitindo a identificação dos mecanismos evolutivos atuantes sobre os diferentes membros da família e da sua possível aplicação em estudos de genômica comparativa.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABADIE, T.; CORDEIRO, C.M.T.; FONSECA, J.R. et al. Construção de uma coleção nuclear de arroz para o Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.40, n.2, p.129-136, 2005.

TAIZ, L., ZEIGER, E. **Fisiologia Vegetal**. 3ª ed. Porto Alegre: Artmed, 2004.

BRIAT, J. *et al.* Cellular and molecular aspects of iron metabolism in plants. **Biot Cell** 84, 69-81, 1995.

BRIAT, J.; LOBRÉAUX, S. Iron transport and storage in plants. **Trends in Plant Science Reviews**, Vol.2, N°5, 1997.

CURIE, C.; PANAVIENE, Z.; LOULERGUE, C.; DELLAPORTA, S.L.; BRIAT, J.F., WALKER, E.L. Maize yellow stripe 1 encodes a membrane protein directly involved in Fe(III) uptake. **Nature**. 409, 46–349. 2001.

GRUSAK, M.A., PEARSON, J.N., MARENTES E. The physiology of micronutrient homeostasis in field crops. **Field Crops Research** 60:41-56. 1999.