



EXPRESSÃO DE GENES RELACIONADOS A MODIFICAÇÕES EPIGENÉTICAS EM ARROZ E IDENTIFICAÇÃO DE MBDS EM VEGETAIS

RAILSON SCHREINERT DOS SANTOS¹; GUSTAVO JOSÉ NEVES DA SILVA²;
NATÁ DIENES MACHADO³; CESAR VALMOR ROMBALDI⁴; LUCIANO
CARLOS DA MAIA⁵; ANTONIO COSTA DE OLIVEIRA⁶

¹ Engenheiro Agrônomo, estudante de pós-graduação, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas - RS, e-mail: rschsan@hotmail.com.br

² Bolsista, estudante de graduação em Ciência da Computação, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas - RS, e-mail: gustav.neves@yahoo.de

³ Bolsista de iniciação científica, estudante de graduação em Biotecnologia, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas - RS, e-mail: natamachado@live.com

⁴ Professor da Universidade Federal de Pelotas, Departamento de Ciência e Tecnologia Agroindustrial, e-mail: cesarvrf@ufpel.edu.br

⁵ Professor da Universidade Federal de Pelotas, Departamento de Fitotecnia, e-mail: lucianoc.maia@gmail.com

⁶ Professor da Universidade Federal de Pelotas, Departamento de Fitotecnia, e-mail: acostol@cgfufpel.org

Resumo: Relatos da importância das modificações epigenéticas na adaptação a diferentes estresses são descritos. Diferentes genes estão envolvidos no direcionamento de modificações epigenéticas, entre eles genes de enzimas metilases e glicosilases, que participam na metilação e na desmetilação ativa do DNA. Existem também genes que codificam proteínas como as *Methyl-CpG-binding domain (MBD) proteins*, as quais se ligam ao DNA metilado e promovem a chamada interpretação da metilação. Poucas informações sobre o perfil de expressão transcricional de genes relacionados com metilação e modificações da cromatina está disponível. Neste trabalho foram obtidas informações sobre a expressão transcricional de genes relacionados com modificações epigenéticas em arroz (*Oryza sativa* L.), bem como informações sobre putativos homólogos de MBDS em diferentes espécies vegetais.

Palavras-chave: Metilação; Homólogos; Expressão transcricional.