

O arroz é uma das culturas de grãos mais importantes para a nutrição humana, mas apesar disto é bastante pobre em nutrientes minerais como ferro (Fe) e zinco (Zn). Acredita-se que a remobilização desses metais para os grãos seja, em parte, resultado de processos de senescência natural de outras partes da planta. Sabe-se que o gene NAM-B1 de trigo é um dos genes responsáveis pelo processo de senescência e remobilização de metais em trigo. Por isso, este gene foi usado como base para buscas de novos genes envolvidos em senescência em plantas de arroz. Para este trabalho, foi feita uma busca no genoma do arroz para encontrar outros genes com sequências semelhantes à do gene NAM-B1 de trigo. Foram encontradas 13 sequências, dentre elas o gene já caracterizado por nosso grupo, *OsNAC5*, provavelmente envolvido no processo de senescência em plantas de arroz. Dessas 13 sequências, dez são expressas em arroz, segundo o banco de dados Pipeline, e ainda não foram caracterizadas. Todas as sequências pertencem à família gênica SNAC (*stress-responsive* NACs) e possuem mais de 30% de identidade com a proteína NAM-B1, também pertencente a esta família gênica. Análises por RT-PCR em tempo real demonstraram que, dos dez genes selecionados, além do gene *OsNAC5*, apenas quatro (ONAC002, ONAC048, ONAC058 e ONAC068) se mostraram mais expressos em estágios mais avançados de desenvolvimento da planta, quando já existe um processo de senescência estabelecido. Tal padrão de expressão sugere que estes genes podem estar envolvidos com o processo de senescência em plantas de arroz. Outros experimentos estão sendo realizados para investigar uma possível função aditiva destes genes no processo de senescência, como exposição de folhas somente a escuro, escuro mais ABA (hormônio indutor de senescência) e escuro mais BAP (hormônio inibidor de senescência).