

O arroz é a principal fonte alimentar de grande parte da população mundial. Porém, como todos os cereais, possui limitação do ponto de vista nutricional, contendo baixos teores de nutrientes essenciais como o ferro (Fe). As deficiências minerais mais comuns na população humana são as de ferro e zinco. O gene que codifica a proteína VIT (Vacuolar Iron Transporter) de *Arabidopsis* (*AtVIT1*) foi recentemente identificado e caracterizado, sendo expresso principalmente durante o desenvolvimento de sementes e em tecidos vasculares. Nosso grupo fez uma busca no genoma de arroz e identificou dois genes VIT (*OsVIT1* e *OsVIT2*). As proteínas VIT podem ser importantes para a estocagem do ferro no grão, em possíveis trabalhos visando a biofortificação do grão de arroz. Este trabalho tem como objetivo a caracterização funcional em levedura do gene *VIT1* de arroz, avaliando a capacidade deste gene complementar leveduras mutantes que não apresentam transportadores de ferro para dentro do vacúolo em meio com diferentes concentrações de ferro. Até o presente momento, foi realizada a extração de RNA total de arroz utilizando o reagente Concert Plant RNA (Invitrogen). As amostras de RNA foram tratadas com DNase I e a síntese da primeira fita de cDNA foi feita com a transcriptase reversa (M-MLV, Invitrogen) usando 1 µg de RNA total. O cDNA de *OsVIT1* foi amplificado por reação de PCR, com primers especiais para o vetor pENTR D-TOPO do Sistema Gateway. O produto de PCR de *OsVIT1* foi clonado no plasmídeo pENTR D-TOPO do Sistema Gateway. A clonagem do fragmento foi confirmada por digestão enzimática. O fragmento do gene de interesse foi transferido por recombinação para o vetor de expressão em leveduras pYTV do Sistema Gateway, confirmado por digestão enzimática e submetido a sequenciamento (terceirizado) para confirmação da sua identidade. Os próximos passos serão: transformação da linhagem de *Saccharomyces cerevisiae ccc1* (defectiva no transporte vacuolar de Fe) com o vetor pYTV clonado com o fragmento de *OsVIT1*, pelo método LiOAc/PEG, e avaliação da capacidade de complementação do fenótipo mutantes pelo gene *OsVIT1*.