

O metabolismo aeróbico leva à produção e ao acúmulo de espécies reativas de oxigênio (ERO), as quais podem ser tóxicas para a célula. O estresse oxidativo derivado das ERO constitui um dos principais fatores de danos às plantas expostas a condições ambientais adversas. Para neutralizar esses compostos, os organismos aeróbicos desenvolveram vários sistemas enzimáticos, dentre eles, enzimas da família glutationa peroxidase (GPx), que catalisam a redução de H₂O₂ ou hidroperóxidos orgânicos à água ou a álcoois correspondentes. O papel das GPx não se limita a proteger os organismos contra o efeito nocivo das ERO; essas enzimas também participam de complexas cascatas de sinalização, sendo a manutenção de sua atividade essencial para o perfeito funcionamento da célula. O arroz tem uma grande importância agrônômica e, devido ao seu alto poder nutritivo, representa o alimento com maior potencial para combater a fome no mundo. A caracterização funcional de genes cujos produtos podem proteger as plantas contra danos oxidativos pode colaborar com o desenvolvimento de cultivares mais resistentes e adaptadas ao meio ambiente, e assim, aumentar sua produtividade. Para contribuir com a elucidação das funções dos produtos gênicos dessa família, determinamos o padrão de expressão dos seis genes de GPx presentes no genoma do arroz, em resposta a condições de estresses abióticos como frio, seca e radiação UV. A expressão gênica foi determinada através da metodologia de PCR quantitativa em tempo real (RT-qPCR), utilizando *primers* específicos para os genes de GPx. Observamos padrões de expressão diferenciais nas condições de estresse testados, indicando que esses genes são regulados de maneira complexa. Além disso, estamos determinando o padrão de expressão dos mesmos genes ao longo do desenvolvimento da planta. Para isso, amostras das partes aéreas e raízes de plântulas de 7, 14 e 30 dias e panículas nos estádios R3 a R9 estão sendo analisadas.