

O arroz possui grande importância econômica e nutricional, sendo o alimento básico de grande parte da população humana. Entretanto é uma fonte pobre em micronutrientes, como o ferro (Fe) e zinco (Zn), cuja deficiência afeta milhões de pessoas. Muitos trabalhos vêm sendo realizados, em plantas de arroz, com o objetivo de caracterizar genes e mecanismos responsáveis pela absorção, transporte e distribuição de minerais pela planta. As plantas são incapazes de completar o seu ciclo de vida sem os nutrientes minerais essenciais. Esses nutrientes minerais são obtidos principalmente a partir do solo e devem ser finamente regulados com o objetivo de manter níveis suficientes e não excessivos, pois nesses casos podem ser prejudiciais ao funcionamento do metabolismo vegetal. Sabe-se que o fenômeno da deficiência de um metal pode levar ao excesso de outros em diversas espécies, e, portanto, as plantas devem possuir mecanismos para lidar com o inevitável efeito colateral do influxo de metais potencialmente tóxicos durante casos de deficiência. Foi proposto recentemente que, em *Arabidopsis thaliana*, as proteínas ferroportinas estão envolvidas nesse mecanismo de detoxificação durante a deficiência de ferro. Existem duas ferroportinas e uma proteína homóloga, AtMAR1 – Multiple Antibiotic Resistance 1, em *Arabidopsis*. O estudo das ferroportinas em arroz deverá ajudar a compreender os mecanismos de transporte e sequestro de metais na planta, além fornecer subsídios para esforços visando a biofortificação (melhoramento da qualidade nutricional) do grão de arroz. Buscas no banco de transcritos de arroz revelaram uma proteína semelhante as duas ferroportinas já caracterizadas de *Arabidopsis* (Os06g36450, denominada OsFPN1) e duas proteínas putativas semelhantes a AtMAR1 (Os12g37530 e Os05g04120, denominadas OsMARL1 e OsMARL2). Nenhuma dessas três proteínas de arroz foi caracterizada em seus aspectos funcionais até o momento. Dessa forma, o objetivo do trabalho é analisar a expressão gênica dos genes *OsFPN1*, *OsMARL1a*, *OsMARL1b* e *OsMARL2* em raízes e folhas de plantas de arroz crescidas em laboratório, submetidas a tratamentos com deficiência de ferro e excesso de cobalto, níquel e ferro; e em panícula, colmo, raiz, folha não-bandeira e folha-bandeira de plantas crescidas a campo, em diferentes estágios reprodutivos. Os resultados mostram que o gene *OsFPN1* apresenta maior expressão em folha-bandeira no estágio R5 (enchimento do grão) e em panícula no estágio R3 (surgimento da panícula). O gene *OsMARL1b* apresenta o mesmo resultado para folha-bandeira no estágio R5 e para panícula no estágio R7 (grão endurecido). Já o gene *OsMARL2* apresenta maior expressão apenas em panícula no estágio R5. Essa maior expressão possivelmente corresponde a momentos de maior mobilização e acúmulo de metais nestes órgãos. Em folhas não-bandeira, colmos e raízes não houve variação nos níveis de expressão ao longo do desenvolvimento reprodutivo. No experimento com deficiência de ferro não ficou evidente nenhuma diferença de expressão entre as plantas em condição controle e as sob tratamento, indicando que esses genes provavelmente não são regulados por deficiência de ferro em arroz. Amostras de plantas expostas ao excesso de cobalto, níquel e ferro ainda estão sendo avaliadas.