



Expressão do gene SAT em plantas hiperacumuladoras de níquel da região de Barro Alto, GO.

Paes-Leme, VB¹; Cordeiro, MCR¹; Fragoso, RR¹; Miranda, ZG¹; Aquino, FG¹; Oliveira-Filho, EC¹; Silva, MS¹; Barros, LMG²; Almeida, J²; Andrade, LRM¹.

¹ Embrapa Cerrados, BR 020, km 18, CEP 73310-970. ² Embrapa Rec. Gen. e Biotecnologia, SAIN Parque Rural, Brasília, DF.

cristina@cpac.embrapa.br

Palavras-chave: *PLippia spp.*; RT-PCR.

Existem um grupo distinto de plantas que desenvolveram mecanismos de resistência à presença de níquel excessivo nos solos, que são chamadas plantas hiperacumuladoras. O mecanismo de hiperacumulação ou de desintoxicação desenvolvidos por estas plantas, ainda é pouco compreendido, sendo as quantidades de níquel acumuladas variáveis inclusive entre plantas de mesma espécie, que podem conter concentrações de até cem vezes mais do que as espécies não acumuladoras. O estudo das plantas hiperacumuladoras visa à utilização destas, na descontaminação de solos, na recuperação de áreas degradadas que ainda contenham este metal ou na retirada destes metais para comercialização (fitomineração). Para um melhor aproveitamento destas plantas é necessário compreender este mecanismo em nível molecular. Enzimas como a serina acetil transferase (SAT), nicotianamida sintase (NAS), glutatona redutase (GR) entre outras parecem estar envolvidas no processo de hiperacumulação. O objetivo deste trabalho é identificar genes relacionados ao mecanismo de hiperacumulação em plantas nativas do Cerrado presentes em áreas de mineração de Goiás. Foram coletadas plantas nativas do cerrado, de regiões contendo níquel no solo sob formas disponíveis, não disponíveis ou que não continham e imediatamente congeladas em nitrogênio líquido. Os RNAs foram extraídos utilizando uma metodologia previamente estabelecida. Os RNA-m constituíram molde para a síntese do cDNA para a amplificação de genes relacionados com a enzima SAT em RT-PCR com o uso de *primers* degenerados. As amostras foram submetidas à eletroforese em um gel de agarose a 1,5% corado com brometo de etídio, visualizado e documentado sob luz ultravioleta. Os resultados obtidos demonstram que ao menos as espécies *Lippia lupulina* e *Lippia spp.* parecem expressar o gene SAT, demonstrando que este gene pode estar relacionado com seu mecanismo de hiperacumulação de níquel. A confirmação desta expressão está sendo realizada por meio da clonagem e sequenciamento dos fragmentos amplificados.

Apoio financeiro : CT-Mineral/CNPq, Embrapa.