



ELIANE A. GOMES, UBIRACI G. P. LANA, CLAUDIA T. GUIMARÃES, NEWTON
P. CARNEIRO, SILVIA N. JARDIM, VERA M. C. ALVES e ANTÔNIO A. C.
PURCINO*.

Embrapa Milho e Sorgo, CP 151, CEP 35701-970, Sete Lagoas, MG

[*corsetti@cnpms.embrapa.br](mailto:corsetti@cnpms.embrapa.br)

Introdução

A toxidez pelo alumínio (Al^{3+}) é um dos principais fatores que limitam a produtividade agrícola em solos ácidos no Brasil. A maioria das plantas cultivadas são sensíveis à toxidez de alumínio sob as condições dos solos tropicais, que inibe o crescimento radicular e reduz a absorção de água e nutrientes do solo, comprometendo a produtividade das culturas (Kochian, 1995). Durante o processo evolutivo, as espécies vegetais desenvolveram diferentes mecanismos de adaptação à toxidez deste metal, ocasionando também diferentes níveis de tolerância. Dentre os mecanismos pelos quais as plantas toleram o Al^{3+} , incluem a capacidade de algumas espécies em excluir o Al^{3+} do ápice radicular (Silva et al., 2000) ou impedir a sua penetração nas raízes, quer pela produção de mucilagem (Miyasaka e Hawes, 2001), quer pela alcalinização da rizosfera, que torna o Al^{3+} insolúvel. A exsudação de ácidos orgânicos de baixo peso molecular pelas raízes é outro mecanismo que confere tolerância à fitotoxicidade deste metal (Rengel, 1996). Apesar da importância desse estresse, os mecanismos fisiológicos, bioquímicos e moleculares responsáveis pela tolerância à toxidez de Al^{3+} em plantas são ainda pouco entendidos (Delhaize e Ryan, 1995). Assim, a identificação dos genes induzidos por esse estresse pode ajudar na elucidação de tais mecanismos.

Dentre as gramíneas, o arroz (*Oryza sativa*) é uma espécie que se destaca por apresentar tolerância relativamente elevada ao alumínio tóxico, podendo ser considerada uma fonte de genes e alelos importantes para aumentar o patamar de tolerância a esse estresse. O seqüenciamento completo do genoma do arroz aliado à colinearidade existente entre os genomas das gramíneas (Gale e Devos, 1998) amplia as possibilidades de utilização das informações existentes e facilita o ancoramento dos genes identificados entre as espécies relacionadas com o milho e sorgo. O objetivo deste trabalho foi identificar genes induzidos pelo alumínio no ápice radicular de uma cultivar de arroz tolerante à toxidez de alumínio, utilizando a técnica de hibridização subtrativa seguida de PCR supressivo.

Material e Métodos

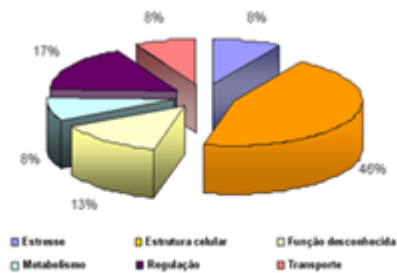


Figura 2. Categorização funcional dos clones de arroz diferencialmente expressos sob estresse de alumínio.

Dentre os clones sequenciados, 13% não mostraram similaridade com os dados do GenBank, sugerindo que eles podem representar novos genes que ainda não foram descritos na literatura. Portanto, é possível que existam, nesta linhagem de arroz, mecanismos de tolerância ao alumínio ainda desconhecidos. A comprovação do envolvimento dos genes já descritos e a identificação de novos genes certamente contribuirão para incrementar os conhecimentos acerca dos mecanismos de tolerância ao alumínio em arroz e em outras gramíneas como milho e sorgo. Adicionalmente, tais genes poderão ser incorporados aos programas de melhoramento, utilizados na piramidação de mecanismos e em eventos de transformação genética para elevar o patamar de tolerância entre as gramíneas cultivadas.

Literatura citada

ALTSCHUL, S.F.; MADDEN, T.L.; SCHÄFFER, A.A.; ZHANG, J.; ZHANG, Z.; MILLER, W.; LIPMAN, D.J. Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. **Nucleic Acids Research**, v. 25, p. 3389-3402, 1997.

DELHAIZE, E.; RYAN, P. Aluminum toxicity and tolerance in plants. **Plant Physiology**, v. 107, p. 115-121, 1995.

DIATCHENKO, L.Y.F.C.; LAU, A.P.; CAMPBELL, A.; CHENCHIK, F.; MOQADAN, B.; HUANG, S.; LUKYANOV, K.; LUKYANOV, N.G.; GURSKAYA, E.; SVERDLOV, P.D. SIEBERT. Suppression subtractive hybridization: a method for generating differentially regulated of tissue-specific cDNA probes and libraries. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v.93, p.6025-6030, 1996.

GALE, M. D. e DEVOS, K. M. Comparative genetics in the grasses. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 95, p.1971-1974, 1998

KOCHIAN, L.V. Cellular mechanisms of aluminum toxicity and resistance in plants. **Annual Review Plant Physiology**, v. 46, p. 237-260, 1995.

MAGNAVACA, R. 1982. **Genetic variability and the inheritance of aluminum tolerance in maize (*Zea mays*, L.)**. Lincoln: University of Nebraska, 135 p. Tese Doutorado.

MIYASAKA S., HAWES M. C. Possible role of root border cells in detection and avoidance of aluminum toxicity. **Plant Physiology**, v.125, p.1978-1987, 2001.

RENGEL, Z. Uptake of aluminium by plant cells. 1996. **New Phytologist**, v.134, p.389-406, 1996.

SAMBROOK, J.; FRITSCH, E. F.; MANIATIS, T. **Molecular Cloning**: a laboratory manual. 2. ed. Cold spring harbor, New York: Cold Spring Harbor Laboratory, 1989.



XXV Congresso Nacional de Milho e Sorgo - 29/08 a 02/09 de 2004 - Cuiabá - Mato G
