

**031 - ESTRATÉGIA PARA IDENTIFICAÇÃO DE GENES DE RESISTÊNCIA AO ALUMÍNIO EM PLANTA NATIVA DO CERRADO *Sclerolobium paniculatum* (Strategy for identification of aluminum resistance genes in Cerrado native plant *Sclerolobium paniculatum*)**

Matos, C.B.<sup>1</sup>; Fragoso, R.R.<sup>2</sup>; Andrade L.R.M.<sup>2</sup>; Cordeiro, M.C.R.<sup>3</sup>; Silva, M.S.<sup>3</sup>; Togawa R.C.<sup>4</sup>; Almeida, J.D.<sup>5</sup>; Barros, L.M.G.<sup>5</sup>

Cerca de 30% dos solos agricultáveis do mundo são ácidos (pH<5.0). O alumínio (Al) nele presente torna-se solúvel formando íons (Al<sup>3+</sup>) fitotóxicos que inibem o crescimento e funcionamento do sistema radicular, sendo fator limitante na agricultura. A maioria das culturas tem baixa tolerância ao Al e por isso é necessário corrigir o pH do solo por meio da adição de calcário, procedimento que encarece a lavoura e causa danos ambientais. No entanto, grande parte das plantas nativas de solos ácidos do Cerrado apresenta alta tolerância ao Al, sendo que algumas espécies apresentam a capacidade de acumular elevados teores de Al em seus tecidos de parte aérea (> 1,0 g Al /kg m.s.), enquanto outras são consideradas excludentes deste metal (< 0,1 g Al /kg m.s.). As plantas excludentes de Al exudam por suas raízes ácidos orgânicos como malato, citrato ou oxalacetato capazes de formar complexos com o Al do solo, impedindo sua absorção. O objetivo desse trabalho é identificar na espécie nativa do Cerrado *Sclerolobium paniculatum*, caracterizada como excludente de Al, genes relacionados ao processo de resistência ao Al, já descritos em outras espécies. Para tal, fez-se uma busca em revistas especializadas e bancos de dados do National Center for Biotechnology Information (NCBI), para catalogação dos genes envolvidos na resistência ao Al. Todos os genes relevantes foram submetidos ao programa BLASTn para busca de homólogos. As seqüências (cDNA) obtidas foram alinhadas pelo programa CLUSTAL\_W para identificação de regiões conservadas e desenho de primers nessas regiões. Desta forma, foram identificados 10 genes (*ALMT1*, *ALS3*, *AtMGT1*, *HvMATE*, *SbMATE*, *wali1*, *wali3*, *wali4*, *wali5*, *wali7*) que reconhecidamente desempenham papel na resistência ao Al em *Arabidopsis thaliana*, *Hordeum vulgare*, *Secale cereale*, *Triticum aestivum*, entre outras espécies. O desenho de primers foi realizado utilizando o programa OligoTech que analisa Tm, formação de "loop" e homodímeros. Foram desenhados 25 primers, alguns contendo degenerações. Os primers serão utilizados em reações de RT-PCR com RNA de *S. paniculatum* cultivadas em hidroponia na presença de alumínio. Espera-se por meio dessa metodologia, identificar em *S. paniculatum* genes homólogos aos genes previamente caracterizados como indutores de resistência ao Al em outras espécies. No futuro, será realizada hibridização subtrativa na busca de genes inéditos. Pretende-se expressar os genes aqui identificados em plantas agronomicamente importantes para possibilitar seu cultivo em solos ácidos.

Apoio: EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia/EMBRAPA Cerrados.

<sup>1</sup>Biologia, graduando, Universidade de Brasília-UnB

<sup>2</sup>Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Cerrados

<sup>3</sup>Bióloga, Ph.D., Embrapa Cerrados

<sup>4</sup>Bioinformata, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e

Biotecnologia <sup>5</sup>Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia