

Identificação de um transcrito para a enzima serina acetil transferase (SAT) em planta hiperacumuladora de níquel presente nos solos ultramáficos de Niquelândia e Barro Alto, GO

Paes-Leme, VB; Cordeiro, MCR¹; Nagata, T³; Fragoso, RR¹; Silva, MS¹; Barros, LMG², Almeida, J²; Oliveira-Filho, EC¹; Aquino, FG¹; Miranda, ZG¹ & Andrade, LRM¹

¹Embrapa Cerrados, BR 020, km 18, CEP 73310-970; ²Embrapa Rec. Gen. e Biotecnologia, SAIN Parque Rural, Brasília, DF; ³Laboratório de Microscopia Eletrônica, Departamento de Biologia Celular, IB, Universidade de Brasília, ICC-Ala Sul, CEP70910-900, Brasília, DF. cristina@cpac.embrapa.br

Palavras-chave: gene, SAT, seleção

Os solos originados de rochas ultramáficas da região de Niquelândia e Barro Alto, GO, Brasil, apresentam altas concentrações de níquel. Este tipo de solo, é, por este motivo, altamente tóxico para a maioria das plantas conhecidas, sendo o responsável pelo desenvolvimento de uma flora bastante especializada devido ao fato de terem desenvolvido um mecanismo de resistência à presença excessiva deste metal pesado. Essas plantas são conhecidas como hiperacumuladoras de níquel e, seu(s) mecanismo(s) de desintoxicação e hiperacumulação é (são) ainda pouco compreendido(s). Dentre outros genes que parecem estar envolvidos estão a enzima SAT que é aquela que catalisa o primeiro passo da síntese de cisteína em microrganismos e plantas evoluídas. Esta enzima parece também estar relacionada com as expressões de enzimas da via da glutatona, mecanismo associado à desintoxicação em células vegetais. O objetivo deste trabalho foi identificar os transcritos relacionados com um gene de SAT em sete espécies de plantas nativas diferentes. Pretende-se com este estudo compreender os mecanismos utilizados pelas plantas hiperacumuladoras de níquel além de, no futuro, poderem ser alvo para trabalhos visando a fitoextração ou recuperação de áreas degradadas de mineração. Os RNA-m das plantas foram extraídos por metodologia previamente estabelecida. *Primers* degenerados foram desenhados para SAT a partir de seqüências de proteínas presentes no banco de dados do NCBI e, os fragmentos de cDNA foram amplificados utilizando a metodologia do *reverse transcription* PCR (RT-PCR). Os fragmentos amplificados foram visualizados em gel de agarose corados com brometo de etídio e as seqüências correspondentes foram avaliadas por sequenciamento. Os resultados demonstram que, pelo menos na espécie *Oxalis* spp. parece haver a participação da enzima SAT.

Financiado por: CT-Mineral/CNPq, Embrapa