

ESTUDO DO MECANISMO DE HIPERACUMULAÇÃO DE NÍQUEL EM PLANTAS NATIVAS DO CERRADO

Vinício Bezerra Paes Leme; Eduardo Cyrino de Oliveira Filho; Maria Cristina Rocha Cordeiro; Tatsuya Negata; Fabiana de Gois Aquino; Zenilton Gayoso de Jesus Miranda; Rodrigo da Rocha Fragoso; Marília Santos Silva; Leila Maria Gomes Barros; Juliana Almeida; Leide Rovênia Miranda de Andrade
EMBRAPA Cerrados – UniCEUB

Solos ricos em níquel (Ni) originados de rochas ultramáficas são áreas de intensa mineração para a obtenção de liga ferro-níquel, como é o caso das regiões de Barro Alto e Niquelândia, GO. Pela intensa atividade de mineração, ocorre imensa degradação da flora dessa região naturalmente tolerante às altas concentrações de Ni no solo. Entre os mecanismos dessas plantas nativas, encontra-se o de hiperacumulação de Ni. Por isso, são conhecidas como hiperacumuladoras de Ni cerca de cem vezes mais que as comuns. A compreensão dos mecanismos dessas plantas pode ser utilizada em estratégias, visando à recuperação de áreas degradadas pela mineração e ou pela fitoextração. Este trabalho teve como objetivo investigar os possíveis mecanismos de hiperacumulação desenvolvidos pelas plantas nativas do cerrado oriundas das regiões de Barro Alto, GO. Foram coletadas sete espécies de plantas hiperacumuladoras de Ni em áreas com diferentes concentrações de Ni, e seus RNAs foram extraídos por metodologia previamente estabelecida. A amplificação de fragmentos de cDNA similares a enzimas relacionadas com o mecanismo de tolerância e ou hiperacumulação de Ni, como, por exemplo, a Serina acetil transferase (SAT), a Nicotinamina sintase (NAS), a Glutathione redutase (GR), foi alcançada em reação de polimerase, em cadeia seguida de transcrição reversa (RT-PCR), utilizando primers degenerados. Os fragmentos de cDNA amplificados foram observados em gel de agarose 1,5% corado com brometo de etídio, clonados em plasmídeo e sequenciados, utilizando-se metodologia de rotina. Na espécie *Oxalis pyrenea*, foi confirmada a expressão de um transcrito para a enzima SAT. A obtenção da sequência completa do cDNA para SAT em reação rápida de amplificação das pontas de cDNA 5' 3' (RACE), a confirmação das expressões de cDNAs relacionados com as enzimas NAS e GR e a quantificação desses transcritos em RTqPCR estão em curso.

Palavras-chave: metal pesado; hiperacumuladoras; transcritos.