



SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA XXVIII SIC

paz no plural



Evento	Salão UFRGS 2016: SIC - XXVIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2016
Local	Campus do Vale - UFRGS
Título	Análise da expressão de aquaporinas de soja (Glycine max) em resposta ao tratamento com alumínio
Autor	JÚLIA COSTA MENEZES
Orientador	FERNANDA STANISCUASKI

Análise da expressão de aquaporinas de soja (*Glycine max*) em resposta ao tratamento com alumínio.

Júlia Costa Menezes e Fernanda Staniscuaski

Departamento de Biologia Molecular e Biotecnologia do Instituto de Biociências -
Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

Os solos ácidos compõem cerca de 30 a 40% das terras aráveis mundiais. A acidez destes solos influencia na disponibilidade de alumínio (Al), e este é um dos maiores empecilhos para a produção agrícola, uma vez que o Al causa diversos efeitos deletérios para a planta, sendo a diminuição do crescimento radicular um dos mais relevantes. A tolerância ao Al varia entre os diferentes cultivares vegetais, sendo as plantas classificadas como: tolerantes, intermediárias e sensíveis. Em soja, 148 cultivares distintos já foram analisados, sendo 21 classificados como tolerantes, 73 como intermediários e 54 como sensíveis. No entanto, o mecanismo molecular envolvido nessa tolerância diferencial ainda não foi completamente esclarecido. Em centeio já foi demonstrado que há variação nos níveis de expressão de genes codificantes de aquaporinas (AQPs) em plantas tratadas com Al. Aquaporinas são proteínas de membrana envolvidas no transporte de água e pequenos solutos através da membrana. Em plantas, as AQPs estão envolvidas, além do transporte de água, na absorção de nutrientes e na fixação de carbono e nitrogênio. Análises do genoma de soja (*Glycine max*) indicaram a presença de pelo menos 58 genes de AQPs. Resultados prévios do laboratório, utilizando a técnica de RT-PCR, mostraram a expressão diferencial de diversas AQPs de soja após o tratamento com Al. O presente trabalho tem como objetivo aprofundar os dados de expressão e caracterizar funcionalmente as AQPs potencialmente envolvidas na resposta ao Al. O cultivar de soja tolerante ao Al, Williams-82, foi germinado por três dias e então transferido para solução nutritiva. Após três dias de adaptação, as plântulas foram tratadas com Al (3 μ M) por 24 h. Após este tratamento, as plântulas foram divididas em parte aérea e raiz. Os tecidos foram congelados a -80 °C até o uso. A extração de RNA total foi feita com o kit *GeneJet Plant RNA Purification* (Thermo Scientific), seguindo as instruções do fabricante. O RNA total serviu como molde para síntese de cDNA, utilizando-se o kit *RevertAid First Strand cDNA Synthesis* (Thermo Scientific) e primers oligo d(T)₁₈. A análise da expressão gênica de AQPs após tratamento com Al foi realizada por PCR em tempo real (qPCR). Os genes de AQPs diferencialmente expressos serão caracterizados funcionalmente através de ensaio de complementação funcional em *Saccharomyces cerevisiae*. Os genes selecionados serão clonados no vetor pGEM T-Easy (Promega) e subclonados no vetor pYES-2 (Thermo Scientific) para expressão em uma linhagem mutante de *Saccharomyces cerevisiae*, com deleção do gene endógeno de AQP. Até o momento já foi realizado qPCR para verificação dos níveis de expressão de 16 AQPs, das quais pelo menos cinco apresentaram uma variação significativa após tratamento com Al. A clonagem e ensaio funcional destes genes estão em andamento.