



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2013: SIC - XXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2013
<b>Local</b>	Porto Alegre - RS
<b>Título</b>	Tolerância diferencial ao alumínio em soja: um estudo sobre o possível envolvimento de aquaporinas
<b>Autor</b>	MAYARA JORGENS PRADO
<b>Orientador</b>	FERNANDA STANISCUASKI

A toxicidade do alumínio (Al) encontrada em solos ácidos é um dos maiores empecilhos para a produção agrícola. Esse tipo de solo compõe de 30 a 40% das terras aráveis no mundo, prejudicando a expansão do cultivo de plantas destinadas a alimentos, fibras e combustíveis. O principal efeito da toxicidade do Al na planta é a diminuição do crescimento radicular. Entre espécies e genótipos de plantas, existem diferentes graus de tolerância à toxicidade do Al, sendo as plantas classificadas como: tolerantes, intermediárias e sensíveis. O mecanismo molecular envolvido nessa tolerância diferencial ainda não foi completamente esclarecido. No entanto, em centeio já foi demonstrado que há variação nos níveis de expressão de genes codificantes de aquaporinas (AQPs) em plantas tratadas com Al. AQPs são proteínas de membrana presentes em bactérias, fungos, animais e plantas, envolvidas principalmente no transporte transmembranar de água e pequenos solutos. Este trabalho tem como objetivo identificar e caracterizar as AQPs presentes nas raízes de diferentes cultivares de soja (*Glycine max*) com respostas distintas ao Al e investigar a relação entre os níveis de expressão dos genes que codificam AQPs e a diferença na tolerância destas plantas ao Al. Cultivares de soja tolerantes (Conquista e Williams) e sensível (EMGOPA313) foram germinados por 5 dias e então tratados com Al por 6 e 24 h. A técnica de RT-PCR foi empregada para identificar as AQPs presentes nas raízes dos diferentes cultivares, fazendo o uso de 40 primers específicos para AQPs de soja. A análise da expressão gênica de AQPs após tratamento com Al está sendo realizada por PCR em tempo real. Para a avaliação funcional, os cDNAs completos de duas AQPs foram amplificados por RT-PCR com primers específicos. Os genes serão clonados no vetor pGEM-T Easy e subclonado no vetor pYES2, para expressão em uma linhagem mutante de *Saccharomyces cerevisiae*, com deleção no gene de AQP. Um ensaio de estresse osmótico com cloreto de sódio será realizado para analisar a funcionalidade das AQPs. Para a avaliação dos solutos transportados por estas proteínas serão utilizadas substâncias descritas na literatura como substratos de AQPs: peróxido de hidrogênio e ácido bórico. Em ambos os experimentos funcionais, será utilizado o meio SC sólido, com ausência de uracila, contendo ou não o soluto a ser testado. Os resultados preliminares mostraram que 10 AQPs são expressas nas raízes controle do cultivar sensível em 6 h e 8 AQPs em 24 h. Destas, 2 mudaram após o tratamento com Al por 6 h e 1 após 24 h. Nos cultivares resistentes, 13 AQPs são expressas nas raízes controle em 24 h e, após o tratamento com Al pelo mesmo período, 6 AQPs apresentaram mudança na expressão. Nas análises preliminares de qPCR com três AQPs, a AQP TIP2;4 mostrou ter expressão nove vezes maior em ambos os cultivares resistentes tratados com Al, em comparação ao controle. Análises com o cultivar sensível estão em andamento.