

C. Ciências Biológicas - 7. Fisiologia - 1. Fisiologia Celular e Molecular

PROSPECÇÃO E CARACTERIZAÇÃO FUNCIONAL DE GENES RELACIONADOS À TOLERÂNCIA A METAIS PESADOS EM CAFEIEIRO (*Coffea arabica* L.).

ISABELLA CAROLINE DOS SANTOS PEREIRA¹
BÁRBARA CASTANHEIRA FERRARA BARBOSA¹
ANTÔNIO CHALFUN JÚNIOR²

1. Setor de Fisiologia Vegetal- Depto de Biologia - UFLA
2. Prof.Dr.PhD - Setor de Fisiologia Vegetal - Depto de Biologia - UFLA

RESUMO:

O acúmulo de metais pesados no solo é a consequência de contínuo uso de fertilizantes, fungicidas, corretivos e resíduos urbanos e industriais. O problema da contaminação ambiental por estes metais alcança hoje dimensões mundiais e afeta além do solo, a água e o ar. A alta concentração de metais pesados nos tecidos vegetais pode comprometer desenvolvimento normal de plantas. As metalotioneínas (MTs) são proteínas de baixo peso molecular, citadas por diversos autores e que conferem tolerância a metais pesados tanto em plantas como em animais (Framond, 1991, Charbonnel-Campaaet al., 2000, Hall, 2002, Guoet al., 2003, Miret al., 2004, Zhouet al., 2004, Eapen e D'Souza, 2005). Formadas por regiões ricas em cisteína que apresentam alta afinidade de ligação a metais, apresentam papel específico no armazenamento de íons essenciais, como o Zn²⁺ e Cu¹⁺, e também na detoxificação de elementos não essenciais como Cd²⁺ e Hg²⁺. O entendimento dos genes envolvidos nesse processo de estresse por metais pesados é de grande importância para desvendar as rotas ligadas a esses agentes estressantes, propiciando talvez, um melhoramento, de forma a adaptar cultivares a esse problema. Para a localização dos prováveis genes, o banco de dados CAFEST foi investigado utilizando-se os critérios de busca por palavra-chave e similaridade com seqüências relacionadas à metalotioneínas descritas na literatura. As seqüências obtidas de similaridade confiável (e-value>10⁻⁵) foram depositadas no sistema de gerenciamento e manipulação de seqüências, o GeneProject. Após o processo de clusterização, os EST-contigs formados foram anotados e comparados contra bancos públicos de proteínas, visando-se obter o maior número de informações relevantes e eliminar seqüências falsas. As possíveis seqüências de Metalotioneínas já descritas estão sendo analisadas, quanto a real relação com o cafeeiro, e seu potencial já descrito. Dos mais de 1000 reads encontrados tem-se agora 25 EST-contigs relacionados à metalotioneínas de café, de acordo com os bancos de dados CAFEST e NCBI. A partir dessas informações alguns genes escolhidos serão isolados de cafeeiro progênie "Siriema" e clonados posteriormente.

Instituição de Fomento: FAPEMIG

Palavras-chave: metais pesados, detoxificação, expressão gênica.