

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

CARACTERIZAÇÃO DE GENES DIFERENCIALMENTE EXPRESSOS POTENCIALMENTE ASSOCIADOS COM A TOLERÂNCIA À SECA EM CAFEIEIRO

CHRISTIANE NORONHA FERNANDES¹

ISABELLA CAROLINE DOS SANTOS PEREIRA¹

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 café, segunda mercadoria mais comercializada no mundo, tem sido uma das culturas de maior importância econômica no Brasil desde a sua introdução no país. Entretanto, a produção é prejudicada nos períodos de seca prolongada, pois, a falta de água afeta o florescimento e, conseqüentemente, a produção dos frutos. A compreensão do mecanismo de tolerância ao estresse, em meio a uma enorme quantidade de genes envolvidos nas rotas de sinalização, pode ser útil na criação de abordagens biotecnológicas para melhorar a tolerância ao estresse, e de novas ferramentas no estudo da regulação gênica (Hazen et. al., 2003). Algumas técnicas têm sido empregadas para identificar genes que são expressos diferencialmente em plantas, em resposta a estresses ambientais. O método da Biblioteca Subtrativa Supressiva (SSH), utilizado nesse trabalho, tem sido uma ferramenta poderosa nesse processo. Durante o trabalho as plantas foram submetidas ao déficit hídrico por 24 dias e após esse período, um subgrupo foi re-irrigado. Folhas foram coletadas após 48h, de onde se extraiu o RNA de plantas não irrigadas (24NI) e re-irrigadas (24RI48). O cDNA foi sintetizado e uma Biblioteca Subtrativa Supressiva (SSH) foi construída. Após clonagem e transformação, os fragmentos obtidos foram sequenciados. Essas sequências foram comparadas no banco de dados internacional NCBI (National Center for Biotechnology Information) utilizando a ferramenta nucleotide BLAST. A construção da biblioteca subtrativa permitiu a identificação de 16 genes com proteína conhecida, além de alguns genes que codificam proteínas hipotéticas, supostas ou cuja função é desconhecida. Partindo dos resultados encontrados, é possível inferir que o mecanismo de sinalização do estresse está ativado, devido à presença de genes sinalizadores e desencadeadores da cascata de sinais e, inclusive, com genes responsivos ao estresse já atuando nas células. Os resultados deste trabalho podem ser tomados como ponto de partida para a compreensão dos mecanismos moleculares que determinam a tolerância ao estresse nas plantas de cafeeiro 'Siriema'. No entanto, as informações obtidas devem ser complementadas e corroboradas por trabalhos subsequentes, utilizando técnicas que permitam avaliar o perfil de expressão.

Instituição de Fomento: FAPEMIG

Palavras-chave: clonagem, tolerância, sinalização.