



CARACTERIZAÇÃO DE TRANSPORTADORES POTENCIALMENTE ENVOLVIDOS NO EFLUXO DE NITRATO DO VACÚOLO EM ARROZ

Erika da Costa Fernandes¹; Maria Eduarda Pimentel de Melo²; Leandro Azevedo Santos³ & Manlio Silvestre Fernandes⁴

¹Bolsista CAPES, Doutoranda no Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia (PPG-Fitotecnia), IA/UFRRJ, e-mail: erikac.fernands@gmail.com; ²Discente do curso de Agronomia IA/UFRRJ; ³Professor do Departamento de Ciência do Solo, IA/UFRRJ; ⁴Professor do Departamento de Fitotecnia, IA/UFRRJ.

Área de Concentração: Fisiologia da Produção

RESUMO

A absorção e remobilização do nitrato (NO_3^-) nas células são importantes para o suprimento do nitrogênio (N) necessário ao desenvolvimento da planta. A identificação das proteínas de transporte que realizam esses processos permite esclarecer o funcionamento dessas vias e delinear estratégias visando aumentar a eficiência de uso. O objetivo deste trabalho é a identificação de genes que codificam transportadores responsáveis pelo efluxo de NO_3^- do vacúolo em arroz. Foram selecionadas sequências de aminoácidos potencialmente codificantes de proteínas transportadoras de nitrato expressas no tonoplasto, disponíveis nos bancos de dados de Arroz (RGAP) e *Arabidopsis* (TAIR) e gerada uma árvore filogenética utilizando o método *neighbor-joining* no software MEGA. Para avaliar os níveis de resposta da expressão dos genes selecionados foi realizado um experimento em câmara de crescimento com plantas de arroz da var. Manteiga cultivadas em solução nutritiva de Hoagland a $\frac{1}{2}$ da força iônica e 5 mM de N-NO_3^- como fonte de N. Aos 30 dias após a germinação, o fornecimento de N foi interrompido por 72 h, realizando-se coleta de amostras a cada 24 h. Após esse período, foi realizado o ressurgimento de N com a solução inicial, sendo coletadas amostras nos períodos de 4, 8, 24 e 72 h. Foi realizada extração do RNA total, criada fita de DNA complementar e feitas reações de PCR em tempo real utilizando o kit *EvaGreen®* (*Solis Biodyne*). Foram utilizados no alinhamento 71 genes, originando uma árvore filogenética com a formação de três grandes grupos. Os dois primeiros reuniram genes de transportadores de alta afinidade (NRT2) e canais de cloreto (CLC) já caracterizados e localizados no vacúolo demonstrando a diferenciação evolutiva entre estes transportadores. O último grupo reuniu genes da família NPF, sendo um desses composto por genes caracterizados funcionalmente em *Arabidopsis*, e os genes *OsNPF5.12*, *OsNPF5.13*, *OsNPF5.15*, *OsNPF5.16* e *OsNPF5.17* como responsáveis pelo efluxo de nitrato do vacúolo. Esses genes demonstraram aumento dos níveis de expressão em resposta a supressão do fornecimento de nitrogênio, o que indica possível relação com a remobilização dos teores de nitrato armazenado no vacúolo. Com a localização subcelular desses genes poderemos confirmar ou refutar seu envolvimento no processo de efluxo de NO_3^- nos vacúolos em arroz.

Palavras-chave: remobilização de N; *Oryza sativa*.

Agências Financiadoras: CAPES; CNPq; FAPERJ.

Anais do II Workshop do PPG-Fitotecnia
Ano: 2019 ISBN: 978-85-5722-350-9