

BIOINFORMÁTICA APLICADA: DESENHO DE PRIMERS PARA IDENTIFICAÇÃO DE REGIÃO GÊNICA TOLERANTE À TOXICIDADE POR ALUMÍNIO EM TRIGO DURO

OLIVEIRA, E.C.¹; PINTO-MAGLIO, C.A.F.²; GOMES, K.A.³

¹ Doutoranda do Instituto Agronômico de Campinas. Autor correspondente: erica_biologa@hotmail.com.

² Doutora – Orientadora e Pesquisadora do Instituto Agronômico de Campinas – Centro de P & D Recursos Genéticos Vegetais.

³ Doutor - Universidade São Paulo – Departamento de Botânica.

O alumínio é considerado fator limitante para a produção de plantas em solos ácidos. Raízes sensíveis à toxicidade, em contato com o alumínio, têm o seu crescimento paralisado afetando o desenvolvimento da planta. Estratégias de melhoramento têm sido empregadas para conferir tolerância à toxicidade ao Al^{3+} em diversas culturas. O gene ALMT (Al-activated malate transporter) que confere tolerância ao alumínio foi inserido por meio de cruzamentos interespecíficos em linhagens de trigo duro (*Triticum turgidum* ssp. *durum* Desf.) (Camargo, 1984; Camargo *et al.*, 2006). O objetivo do trabalho é mapear sequências de DNA relacionadas com a tolerância à toxicidade por Al^{3+} nos cromossomos das linhagens de trigo duro. Para isso foram construídos primers amplificadores dessas sequências por meio de ferramentas da bioinformática. Na análise *in silico* foi feita uma busca de ortólogos (descendente de um mesmo gene ancestral) ao gene ALMT de *T. aestivum* (trigo comum) no GenBank, seguido da predição da estrutura do gene no Phytozome, alinhamento múltiplo dos genes no ClustalOmega e finalizado com o desenho dos primers no Primer3Plus. Os ortólogos foram selecionados a partir de espécies que possuem o gene ALMT sequenciado: *Zea mays*, *Triticum aestivum*, *Brachypodium* sp., *Oryza sativa* e *Sorghum bicolor*. Foi feito o alinhamento entre as regiões genicas (ALMT) dos ortólogos, tendo como base o genoma completo de *Oryza sativa*. Foram selecionadas três regiões conservadas do alinhamento para desenho de cinco primers: ALMT1-reg1A; ALMT1-reg1B; ALMT1-reg2A; ALMT1-reg3A; ALMT1-reg3B. A caracterização molecular nas linhagens de trigo com os primers pode ser feita por reação em cadeia da polimerase (PCR). Esses primers são marcadores potenciais para identificação de sequências gênicas nas linhagens de trigo duro (tolerantes à toxicidade ao Al^{3+}), pois o genótipo *T. aestivum*, utilizado no alinhamento de sequência, é um dos parentais das linhagens e possui região gênica conservada nos demais ortólogos.

Palavras-chave: Trigo, bioinformática, primers, alinhamento, ALMT

Agradecimentos: PAEP-Capes