

039

**CARACTERIZAÇÃO DE GENES DE METALOTIONINAS DE PLANTAS PROVENIENTES DE SOLOS RICOS EM COBRE.** Grasiela Agnes<sup>1</sup>, Maria L. Porto<sup>2</sup>, Giancarlo Pasquali<sup>1</sup>, Marcelo G. de Moraes<sup>1</sup>. (1- Centro de Biotecnologia, UFRGS; 2- Departamento de Ecologia, UFRGS).

A poluição de solos e lençóis freáticos por metais tóxicos é um grave problema ambiental pois pode causar danos severos à agricultura e à saúde humana. A compreensão dos mecanismos pelos quais as plantas toleram, e principalmente acumulam, altas concentrações de metais pode nos ajudar a remediar ambientes contaminados através do uso de plantas que extraem os metais do solo. A identificação dos genes envolvidos nesses mecanismos é importante para a caracterização da tolerância aos metais, assim como para a obtenção de plantas geneticamente modificadas hiperacumuladoras de metais. Pesquisas anteriores mostraram que as metalotioninas são componentes importantes no mecanismo de tolerância aos metais em animais, fungos e plantas. A fim de estudar os mecanismos envolvidos na tolerância ao cobre em plantas, nós coletamos tecidos de folhas de espécies nativas que crescem em solos ricos em cobre da região de Lavras do Sul, RS. DNA e RNA de plantas foram extraídos e avaliados quanto a presença de metalotioninas pelo método de PCR e RT-PCR, respectivamente. Nós detectamos a presença de genes de metalotionina nas seguintes plantas: *Baccharis trimera* (Asteraceae), *Heterothalamus alienus* (Asteraceae) e *Schinus molle* (Anacardiaceae). Níveis de expressão de mRNA de metalotionina são altamente induzidos em *Baccharis trimera* que crescem em solos com altos níveis de cobre. Esse padrão de expressão sugere que as metalotioninas possam estar envolvidas nos mecanismos de tolerância ao cobre nessa planta. Futuramente estes genes serão transferidos para outras espécies de plantas a fim de testar o seu papel no mecanismo de acumulação de cobre.(FAPERGS e CNPq/PIBIC).