

405

**ESTUDO DE GENES DE EUCALYPTUS RELEVANTES À FLORAÇÃO.** Gabriela Veiga Vieira Mancio Bandeira, Michèle Claire Breton, Danielle Costenaro Serafim, Jeverson Frazzon, Giancarlo Pasquali (orient.) (UFRGS).

Compreender os eventos moleculares envolvidos na indução do florescimento em *Eucalyptus* tem um importante papel no desenvolvimento de plantas macho- e/ou fêmea-estéreis para programas de melhoramento genético e biossegurança. Para tanto, foi feita uma busca por similaridade em bancos de dados (GenBank e Genolyptus) de genes envolvidos no florescimento, a avaliação de mutantes em plantas-modelo (*Arabidopsis thaliana* e *Nicotiana tabacum*) para a escolha de genes candidatos e estudos sobre a obtenção de plantas modelo transgênicas/mutantes que apresentam ausência de florescimento. A seguir, bibliotecas de expressão foram construídas a partir de RNA total extraído de diferentes partes florais de *Eucalyptus grandis* em diferentes estádios de desenvolvimento. Os clones gerados foram analisados por meio do seqüenciamento automático dos insertos de cDNA e diversos programas de bioinformática (PHRED/PHRAP, BLAST, ClustalW e análise de vias metabólicas pelo KEGG). Com base nestes dados, está sendo feita a seleção de genes candidatos para silenciar ou super-expressar em plantas-modelo, com vistas à avaliação em relação ao fenótipo de presença ou ausência de florescimento. Concomitantemente, foi montado um experimento baseado no trabalho de Menck e colaboradores (1990) para a avaliação da viabilidade do pólen após a abertura da flor. Este experimento permitirá o cálculo do tempo ótimo de fertilização e a melhor compreensão da biologia floral de espécies de *Eucalyptus*, fornecendo dados para a definição do isolamento mínimo para testes a campo de plantas transgênicas desta espécie.