

014

**AVALIAÇÃO DA EXPRESSÃO DE GENES ENVOLVIDOS NO FLORESCIMENTO EM ESPÉCIES DE EUCALYPTUS.** Gabriela Veiga Vieira Mancio Bandeira, Michèle Claire Breton, Giancarlo Pasquali (orient.) (UFRGS).

O fenômeno do florescimento fascina toda a humanidade há muitos anos. Estudar as mudanças moleculares é essencial para compreender as vias fisiológicas e celulares do florescimento. Estes eventos têm um importante papel no desenvolvimento de espécies florestais melhoradas geneticamente, permitindo uma maior adaptabilidade às diversas regiões com potencial de produção no Brasil e um menor tempo para a produção de madeira. No presente trabalho, temos por objetivo (i) identificar e analisar os genes relacionados ao florescimento em *Eucalyptus* e suas vias metabólicas, tendo como base estudos realizados em *Arabidopsis thaliana*; (ii) identificar os eventos moleculares que desencadeiam o processo de florescimento; e (iii) acrescentar dados aos estudos relacionados às etapas do florescimento em *Eucalyptus* e sua resposta ao fotoperíodo. Para tanto, estão sendo construídas bibliotecas de expressão a partir de RNA total extraído de pétalas, sépalas, estames, estiletos, carpelos e receptáculos florais de *E. grandis* em diferentes estádios de desenvolvimento. Para a extração do RNA total de *Eucalyptus* foi utilizado o protocolo e reagente PureLink Plant RNA Reagent (Invitrogen). DNAs complementares foram gerados a partir de PCRs com oligo(dT) e *primers* de seqüências aleatórias. Os cDNAs foram ligados ao vetor pGEM-Teasy (Promega) e os produtos obtidos foram clonados em células de *Escherichia coli* DH10B. Os clones gerados estão sendo analisados por meio do seqüenciamento automático dos insertos de cDNA e programas diversos programas de bioinformática (PHRED/PHRAP, BLAST, ClustalW e análise de vias metabólicas pelo KEGG). (PIBIC).