

151

EXPRESSÃO GÊNICA EM MERISTEMAS FLORAIS DE ESPÉCIES DE EUCALYPTUS.

Rebeca Inhoque Pereira, Michèle Claire Breton, Giancarlo Pasquali, Leonardo Pedrazza, Jeverson Frazzon (orient.) (UFRGS).

O gênero florestal *Eucalyptus*, originário da Austrália, é utilizado no Brasil como fonte de madeira para produção de celulose, papel e outros derivados. A iniciação do processo de florescimento e a manutenção dos meristemas florais dependem de uma complexa cascata gênica regulada por fatores endógenos e ambientais. A regulação correta da transição e da manutenção do florescimento é crucial para o sucesso reprodutivo das plantas, com o desenvolvimento de mecanismos moleculares conservados para integrar sinais ambientais e endógenos, determinando o tempo de florescimento. Neste trabalho, são apresentados resultados obtidos do seqüenciamento de bibliotecas de expressão de partes florais (Pétalas/Sépalas, Anteras, Pistilos e Carpelos/Receptáculo Floral) de *Eucalyptus saligna* e *Eucalyptus grandis*, tendo como objetivo principal a obtenção de seqüências envolvidas não somente no processo de florescimento e manutenção do meristema floral, como também os genes expressos naquele momento fisiológico do botão floral e da flor aberta de *Eucalyptus*. Foram seqüenciadas ~1.000 ESTs válidas para cada biblioteca de expressão correspondente a cada parte da flor analisada, composta de cDNAs originários de botões florais e flores abertas. Alguns genes envolvidos no processo de florescimento foram identificados, como por exemplo, TFL1, AGAMOUS, APETALA1 e CRYPTOCHROMO1 bem como citocromo B, proteínas induzidas por auxinas e heat shock proteins, que participam de outras rotas metabólicas na flor. A análise destes dados permitirá identificar elementos conservados envolvidos nas vias controladoras do florescimento e manutenção do meristema floral, contribuindo para a compreensão e monitoramento deste momento fisiológico da planta de *Eucalyptus*. (CNPq).