

128

**DETERMINAÇÃO DA LOCALIZAÇÃO SUBCELULAR DAS DIFERENTES ISOFORMAS DE ASCORBATO PEROXIDASES (APX) DE ARROZ.** *Rafael Rauber, Andréia Caverzan, Marcia Maria A Nachenveng P Margis (orient.)* (UFRGS).

As plantas são expostas a diversas condições de estresse ao longo do seu desenvolvimento, tais como alta salinidade, temperaturas extremas, seca e dano mecânico, os quais resultam em um aumento dos níveis de espécies reativas de oxigênio (ERO). Para proteção das membranas celulares e organelas contra os efeitos danosos causados pela ação das ERO, as plantas ativam um complexo sistema antioxidante. O principal sistema de remoção das ERO nos cloroplastos e mitocôndrias é o ciclo do ascorbato-glutationa, onde a ascorbato peroxidase (APx) é a enzima chave catalisando a conversão do H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> em H<sub>2</sub>O, usando ascorbato como doador de elétrons. Estudos prévios do grupo identificaram em arroz oito genes que codificam APx. A localização subcelular dos produtos gênicos foi determinada por análises *in silico*. Além disso, a localização subcelular das proteínas codificadas por três desses genes foi estudada em um sistema heterólogo, constituído de células BY-2 de tabaco. O presente trabalho tem como objetivo determinar experimentalmente a localização subcelular das proteínas codificadas pelos diferentes genes de APx usando vetores contendo a fusão com GFP (Green Fluorescent Protein), produzida com auxílio do sistema Gateway (Invitrogen Life Technologies, CA). Estes vetores serão inseridos estavelmente no genoma do arroz por transformação via *Agrobacterium tumefaciens*. Posteriormente os calos transformados serão analisados por microscopia confocal. As análises em plantas transgênicas também permitirão verificar se a localização dessas proteínas pode variar em resposta a estímulos ambientais. No presente momento estamos transformando calos embriogênicos de arroz cv. Nipponbare com as construções específicas para cada membro da família gênica das APx. (CNPq).