

156

EXPRESSÃO DA CINAMOIL-COA REDUTASE E DA ÁLCOOL CINAMÍLICO DESIDROGENASE EM PLANTAS TRANSGÊNICAS DE TABACO VISANDO A ALTERAÇÃO DA COMPOSIÇÃO E/OU DOS TEORES DE LIGNINAS. *Pâmela Perini, Felipe**Fenselau de Felippes, Giancarlo Pasquali (orient.) (UFRGS).*

As ligninas são polímeros vegetais complexos, presentes principalmente nas células do xilema, com funções estruturais e de suporte mecânico, cujas moléculas derivam dos álcoois monolignóis – constituintes de uma das principais rotas metabólicas a partir de fenilpropanóides. *Eucalyptus saligna* é uma das espécies arbóreas mais exploradas com vistas à obtenção de pasta de celulose e produção de papel no estado do Rio Grande do Sul. A geração de variedades desta planta com redução no teor de ligninas ou com uma composição mais favorável à sua utilização nas indústrias – sem o comprometimento do desenvolvimento do vegetal – teria um grande impacto positivo na produtividade e na qualidade de celulose. Neste trabalho, *Nicotiana tabacum* (tabaco), planta-modelo em estudos de biologia molecular vegetal, foi transformada geneticamente com seqüências genômicas completas ou fragmentos codificadores das enzimas cinamoil-CoA redutase (CCR) e álcool cinamílico desidrogenase (CAD) de *E. saligna*, em orientação senso e antisenso, sob controle do promotor 35S do vírus do mosaico da couve-flor (CaMV 35S), para avaliações da capacidade de alterar a quantidade ou a composição das ligninas. As enzimas CCR e CAD pertencem especificamente à rota de síntese de monolignóis e são responsáveis pela formação dos intermediários aldeídicos e alcoólicos, respectivamente. Folhas e caules das plantas transformadas foram avaliadas quanto à presença dos transgenes por *Southern blot* e quanto à composição em ligninas. Cerca de 60% das plantas transformadas apresentaram os transgenes integrados em seus genomas de forma inequívoca. Alterações reduzidas dos teores de ligninas foram observadas por análises histoquímicas e químicas nestas plantas. Análises da atividade enzimática CAD não revelou variações significativas. Atualmente buscamos isolar e caracterizar as seqüências promotoras dos genes *cad* e *ccr* a partir de clones BAC (cromossomos artificiais de bactérias). (Fapergs).