

Caracterização de polimorfismo e expressão de um gene de celulose sintase de *Eucalyptus*

Salazar, MM¹; Coelho, ASG¹; Trigueiro, EL¹; Brondani, RPV²; Vaz, ARC²

Laboratório de Genética e Genômica de Plantas – Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO;
Embrapa Arroz e Feijão, Goiânia, GO
marcelamsalazar@hotmail.com

Palavras-chave: *Eucalyptus*, celulose sintase

A celulose é o polímero mais abundante do planeta, sendo o principal constituinte da biomassa das plantas. Genes da família *CesA*, que codificam a enzima celulose sintase foram identificados em diversas espécies de plantas, especialmente em *Arabidopsis thaliana*, na qual três deles (*AtCesA4*, *AtCesA7* e *AtCesA8*) foram correlacionados com a produção de celulose em parede celular secundária. As diferentes espécies de *Eucalyptus* têm se constituído em um importante alvo de estudos voltados para o desenvolvimento de ferramentas de melhoramento molecular, uma vez que o gênero tem grande importância no setor florestal, com destaque no mercado internacional de papel e celulose. A tecnologia de melhoramento molecular possibilita que a caracterização de genes de interesse possa ser aplicada a programas de melhoramento genético de espécies florestais visando o aumento da qualidade e produtividade dos seus produtos. Neste trabalho, 320 *ESTs* de *Eucalyptus*, relacionados a três genes responsáveis pela produção de parede celular secundária foram anotados, utilizando-se como referência os genes *AtCesA4*, *AtCesA7* e *AtCesA8*. Para estes genes, *primers* foram desenhados a fim de que uma triagem em uma biblioteca de BACs de *Eucalyptus* fosse realizada. Uma maior ênfase foi dada ao gene ortólogo ao gene *AtCesA7* de *Arabidopsis thaliana*. Uma região de 1197 pares deste gene foi seqüenciada e serviu de base para a caracterização do nível de polimorfismo existente neste gene em *Eucalyptus*. Pela comparação de seqüências de um fragmento deste gene obtido de diferentes espécies de *Eucalyptus*, incluindo um íntron e dois éxons, observou-se que a quantidade de SNPs identificados no íntron (4), como esperado, foi maior do que aquela encontrada nos éxons (1 em cada), embora o valor estimado para o índice de diversidade nucleotídica (π) relativo ao íntron (0,0824) tenha sido menor do que aquele estimado em um dos éxons (0,2029). O estudo do nível de expressão desse gene em diferentes espécies/tecidos revelou que este é preferencialmente expresso em tecidos de xilema e fracamente expresso em folhas, o que corrobora com os achados que indicam a atuação desses genes em paredes celulares secundárias. O nível de expressão desse gene foi maior em *E. urophylla* que em outras espécies estudadas. Espera-se que esse trabalho possa contribuir para uma melhor caracterização dos genes envolvidos na via de biossíntese de celulose em espécies de *Eucalyptus*, bem como possa subsidiar estudos futuros de mapeamento genético e de análise de desequilíbrio de ligação no contexto dos genes de celulose sintase.

Apoio financeiro: MCT/FINEP - Rede *Genolyptus*, FUNAPE-UFG.