

vermiculita; T5-água e água; T6-vermiculita. Para verificar o percentual de germinação, sementes de mesma procedência foram semeadas em areia + vermiculita (1:1), previamente autoclavadas. Foi verificado que o percentual de emergência de plântulas foi de 66,7%. O melhor resultado para os tratamentos testados foi T4 e T6 com 90 e 70% de plântulas emergidas, respectivamente, enquanto que o menos eficiente, T3, apresentou apenas 7,14%. A vermiculita com ou sem MS revelou ser um excelente substrato para a emergência de plântulas *in vitro* de mogno. (EMBRAPA/CAPES)

#### **MICROPROPAGAÇÃO DO CURAUÁ (*ANANAS ERECTIFOLIUS*): RESPOSTAS PRELIMINARES**

Ilmarina Campos de Menezes (Embrapa Amazônia Oriental, Lab. de Biotecnologia, Belém, PA), Oriel Filgueira de Lemos (Embrapa Amazônia Oriental, Lab. de Biotecnologia, Belém, PA), Marco Antonio Menezes (Depto de Botânica, UFPA), Osmar Alves Lameira (Embrapa Amazônia Oriental, Lab. de Biotecnologia, PA) & Sebastião da Cunha Lopes\* (UFPEL)

O curauá (*Ananas erectifolius*) é uma bromeliácea nativa da região de Lago Grande, município de Santarém, Pará. Estudos recentes tem demonstrado o grande potencial desta planta como produtora de fibra de excelente qualidade, podendo ser utilizada na atividade industrial automobilística em substituição à fibra de vidro. Devido a pressão para utilização de produtos naturais, o mercado Europeu tem mostrado interesse na fibra do Curauá. Apesar deste fato ainda não se dispõe de um sistema de cultivo para a espécie, havendo também dificuldades na propagação de mudas em larga escala. Este trabalho objetiva utilizar as técnicas de cultura de tecido para estabelecer as fases do processo de micropropagação de curauá tais como: assepsia de explantes; estabelecimento de cultura; proliferação, alongamento e enraizamento de brotos; aclimação e formação de mudas. Para tanto, plantas de campo foram coletadas e após retiradas as folhas, o caule foi lavado com água corrente e sabão neutro. As gemas axilares foram excisadas e imersas em álcool 70% por 30 segundos e após, transferidas para solução de hipoclorito de sódio 2% (NaClO) por 15 minutos e lavadas com água esterilizada por cinco vezes em câmara de fluxo laminar. Para estabelecimento da cultura, as gemas foram inoculadas em meio MS e BAP (Benzilaminopurina) a 1,0 mg/L durante 40 dias. Após este período, as gemas foram transferidas para o mesmo meio porém com 4,5 mg/L de BAP para proliferação de brotos onde permaneceram por 60 dias. Para o subcultivo, brotos menores que 5mm foram transferidos para meio MS com metade dos sais e os maiores para meio MS com 3 mg/L de BAP. Os resultados preliminares mostraram possível efeito tóxico pela concentração de BAP utilizada (3 mg/L), oxidando 100% dos explantes submetidos a este meio, em contrapartida a média de indução de brotos

no meio MS/2 foi de 4,3 brotos por explantes. (Embrapa Amazônia Oriental)

#### **ESTRUTURA, ORGANIZAÇÃO E FUNÇÃO DO GENE BiP DA SOJA: IDENTIFICAÇÃO DE ELEMENTOS REGULATÓRIOS DO PROMOTOR**

Buzeli, Reginaldo A.A. (DBB/BIAGRO/UFV); Almeida\*, Raul S. (DBB/BIAGRO/UFV); Cascardo, Júlio C.M. (DBV/BIOAGRO/UFV) & Fontes, Elizabeth P.B. (DBB/BIAGRO/UFV, Viçosa, MG)

Os membros da família HSP70 são proteínas relacionadas com estresses. Como membro dessa família, a proteína BiP (Binding Protein), residente no retículo endoplasmático, tem sido descrita como um importante chaperone molecular, envolvida no processo de dobramento e montagem de proteínas secretórias. Em soja, BiP é codificado por uma família multigênica. A família dos genes BiP da soja exibe expressão e regulação diferencial em resposta a estresses fisiológicos. Com a finalidade de caracterizar os elementos regulatórios que controlam a regulação e a expressão dos genes BiP sob diferentes estresses e em diferentes órgãos, procedeu-se ao screening de bibliotecas genômicas de soja, propagadas em  $\lambda$ ZAPII e em  $\lambda$ gt11, usando o cDNA de BiP como sonda. Pelo menos dois clones positivos foram isolados, cujas identidades foram confirmadas por Southern blot e sequenciamento. O clone genômico gsBiP6 contém um inserto de 15 kpb em  $\lambda$ gt11 e possui toda a região codificadora de BiP, além de sequências do promotor. Uma vez que o clone gsBiP9 foi isolado de uma biblioteca selecionada por tamanho, como estratégia para isolar um gene contendo a região promotora, foi também utilizado como sonda um fragmento de cDNA correspondente à região amino terminal da proteína. O clone isolado gsBiP9 contém um inserto de 5,4 kpb em  $\lambda$ ZAPII, possui a região promotora, mas está incompleto uma vez que não possui a região que codifica o carboxi terminal de BiP. A região codificadora incompleta do clone GSBI9 está organizada em sete introns e oito exons. A proteína traduzida a partir do clone GSBI9 possui 98% de homologia com soyBiPD. A região promotora estende até 2,2 kpb e apresenta tanto "motifs" gerais característicos de promotores de genes de plantas, como: CAP e TATAbox, quanto motifs específicos de genes hsp70 (HSF box). A análise funcional dos promotores estão sendo conduzidas por meio de ensaios de expressão de genes repórteres em plantas de fumo. (PADCT/CNPq, FAPEMIG, FINEP e CNPq)

#### **REGENERAÇÃO DE PLANTAS DE CACAU (*THEOBROMA CACAO* L.) VIA EMBRIOGÊNESE SOMÁTICA**

Phellippe Arthur Santos Marbach\* & João Batista Teixeira (Embrapa-Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília - DF, batista@cenargen.embrapa.br)