

152 - ESTS DE *Eucalyptus* CORRESPONDENTES A GENES RELACIONADOS A SISTEMAS ENZIMÁTICOS DESINTOXICADORES

ALVES, E.*(FCA/UNESP-Botucatu/SP, eacorrea@fca.unesp.br), VELINI, E.D. (FCA/UNESP-Botucatu/SP, velini@fca.unesp.br) , TRINDADE, M.L.B. (FCA/UNESP-Botucatu/SP, mlbtrindade@uol.com.br); CATANEO, A.C. (IBB/UNESP-Botucatu/SP, acataneo@ibb.unesp.br), MARINO, C.L. (IBB/UNESP-Botucatu/SP, clmarino@ibb.unesp.br); MORI, E.S. (FCA/UNESP-Botucatu/SP, mori@fca.unesp.br), GUERRINI, I.A. (FCA/UNESP-Botucatu/SP, iguerrini@fca.unesp.br), FURTADO, E.L. (FCA/UNESP-Botucatu/SP, elfurtado@fca.unesp.br), MAIA, I.G. (IBB/UNESP-Botucatu/SP, igmaia@ibb.unesp.br)

O objetivo deste estudo foi realizar uma prospecção para identificar genes e alelos favoráveis associados aos sistemas enzimáticos superóxido dismutase, catalase, peroxidases e glutathione S-transferase (relacionados à tolerância a estresses ambientais e a danos provocados por pragas, doenças, herbicidas e pelas próprias plantas daninhas), utilizando o banco de dados de seqüências expressas de eucalipto, (<https://forests.esalq.usp.br>). As enzimas estudadas foram bem representadas no banco de ESTs do FORESTs, com e-values significativos quando comparados a seqüências de outros organismos presentes no banco de nucleotídeo do NCBI e GenBank. Observou-se, também, alta similaridade entre seqüências de ESTs de eucalipto e o banco de dados público.