

Sessão 19  
Genética Vegetal A

155

**SEQÜENCIAMENTO DO TRANSCRIPTOMA DE TECIDOS VASCULARES DE EUCALYPTUS GRANDIS.** *Guilherme Pizzoli, Fernanda Macedo Bastolla, Fabiano Pazzini, Rochele Patrícia Kirch, Guilherme A Roesler, Robson P Miranda, Marcelo F Carazzolle, Georgios J Pappas Jr, Gonçalo A G Pereira, Júlio C M Cascardo, Giancarlo Pasquali (orient.)* (UFRGS).

O Projeto "GENOLYPTUS: Rede Brasileira de Pesquisa do Genoma de *Eucalyptus*" tem como objetivos centrais o descobrimento, o seqüenciamento, o mapeamento e a determinação da função de genes de importância econômica de diferentes espécies de *Eucalyptus*, visando a incorporação de tecnologias de genética genômica nos programas de melhoramento e produção florestal. Com vistas à avaliação do padrão de expressão de genes envolvidos na gênese da madeira em *E. grandis*, a mais importante espécie de *Eucalyptus* para a produção de celulose e papel no Brasil, uma biblioteca de expressão foi construída a partir de mRNA extraído de tecidos vasculares do tronco de indivíduos adultos. Após purificação do RNA total de xilema, seqüências de cDNA foram sintetizadas a partir do mRNA obtido e inseridas no vetor pSport1 para transformação de *Escherichia coli*, originando as bibliotecas de tecidos vasculares de *E. grandis*. A partir dessas bibliotecas realizou-se a extração de plasmídios pelo método de minipreparação e os clones gerados foram marcados para seqüenciamento automático, originando seqüências válidas de genes expressos (ESTs), posteriormente enviadas às centrais de bioinformática. Até o momento, 5.442 ESTs válidas foram geradas a partir desta biblioteca, o que representa um aproveitamento de 66,3%, já que o total de amostras seqüenciadas foi de 8.208. A construção de bibliotecas e o seqüenciamento de cDNAs serão concluídos quando se atingir o limite de 10.000 seqüências válidas para este tipo de tecido de *E. grandis*. A partir de então, os clones serão organizados conforme função metabólica, mapas de ligação e/ou localização cromossômica. Serão selecionados cDNAs relacionados à gênese da madeira para estudo mais aprofundado, além do estudo da expressão e regulação gênicas e funções das proteínas codificadas. (PIBIC).