

189

PROJETO GENOLYPTUS E O SEQÜENCIAMENTO DO TRANSCRIPTOMA DE EUCALYPTUS. Rochele Patrícia Kirch, Cascardo J. C. M., Giancarlo Pasquali (orient.) (UFRGS).

O objetivo central do Projeto "GENOLYPTUS" é o descobrimento, o seqüenciamento, o mapeamento e a determinação da função de genes de importância econômica de diferentes espécies de *Eucalyptus*. O Subprojeto "Seqüenciamento do Transcriptoma de *Eucalyptus*" visa o seqüenciamento de 150.000 clones de cDNA e tem como objetivo a identificação de todos os estimados 30 mil genes do eucalipto, com ênfase especial em genes envolvidos na formação da madeira. Até o momento, foram construídas bibliotecas de expressão a partir de mRNA extraído de diversos tecidos de *E. grandis*, mistura de xilemas, floemas e raízes de diversas espécies de *Eucalyptus*, além de xilema de *E. pellita*, *E. globulus* e *E. urophylla*. Três diferentes métodos de extração de RNA total e dois métodos de purificação de mRNA foram avaliados. Após a síntese de cDNA e ligação ao vetor pSPORT1 foram obtidas bibliotecas cujos insertos variaram de 500 a 2.300 pb. O seqüenciamento automático e a análise das seqüências geradas revelaram que a maioria das bibliotecas construídas apresentaram baixíssimos índices de vetores vazios e redundância. Essas bibliotecas foram validadas para o seqüenciamento maciço pelos diferentes grupos participantes. Um total de 88.500 ESTs foram geradas até o momento. Alta representatividade de enzimas-chave dos metabolismos diretamente associados à gênese de madeira foi observada, assim como para as demais rotas biossintetizantes. (BIC).