

## CARACTERIZAÇÃO DE ESTs OBTIDOS PELO SEQÜENCIAMENTO DE UMA BIBLIOTECA DE cDNAs OBTIDA DE PLÂNTULAS DE *Eucalyptus grandis*

Ferreira, Luciana Gomes<sup>1</sup>; Bandeira, Ludmila Ferreira<sup>1</sup>; Dutra, Nicole Cristina Lopes<sup>1</sup>; Rosa, Sejana Artiaga<sup>1</sup>; Carneiro, Monalisa Sampaio<sup>1</sup>; Coelho, Alexandre Siqueira Guedes<sup>1</sup>; Brondani, Rosana P. Vianelo<sup>2</sup>, Brommonschenkel, Sérgio<sup>3</sup>, Cascardo, Júlio CM<sup>4</sup>, Pasquali, Giancarlo<sup>5</sup>; Grattapaglia, Dario<sup>6</sup>

<sup>1</sup>Lab. de Genética e Genômica de Plantas, DBG/ICB/UFG, Goiânia, GO; <sup>2</sup>Embrapa Arroz e Feijão, Goiânia, GO; <sup>3</sup>UFV, Viçosa, MG; <sup>4</sup>UESC, Ilhéus, BA; <sup>5</sup>UFRGS, Porto Alegre, RS; <sup>6</sup>Embrapa Cenargen, Brasília, DF.

[acoelho@icb1.ufg.br](mailto:acoelho@icb1.ufg.br)

palavras-chave: *Eucalyptus*, genoma, ESTs

As espécies do gênero *Eucalyptus* estão entre as espécies florestais de maior importância econômica do mundo, sendo as empresas nacionais líderes no setor de papel e celulose as de maior produtividade do planeta. Tendo em vista as iniciativas crescentes em pesquisas genômicas de outras espécies florestais (ex. *Pinus* e *Populus*) em outros países, é consenso que a manutenção e crescimento da competitividade das indústrias brasileiras baseadas em biomassa de *Eucalyptus* demanda hoje, com urgência, um posicionamento estratégico mais agressivo das empresas do setor em relação a esta área da biotecnologia. Como parte integrante das atividades da *Rede Genolyptus*, que tem como objetivos o descobrimento, o seqüenciamento, o mapeamento e a determinação de função de genes de importância econômica de espécies de *Eucalyptus*, visando a incorporação de tecnologias genômicas nos programas de melhoramento genético e produção florestal, uma biblioteca de cDNA foi obtida a partir da extração da fração de mRNA de plântulas mantidas em condições de viveiro. Os clones produzidos foram seqüenciados utilizando-se um seqüenciador automático ABI-3100. As seqüências obtidas foram então avaliadas para qualidade tendo sido consideradas como válidas aquelas com um número mínimo de 250 pares de base com  $phred > 20$ . Os *reads* obtidos foram então comparados com as seqüências do *GenBank* e submetidos à clusterização para identificação de genes de interesse. Foram seqüenciados 10079 clones, tendo-se produzido um total de 7305 seqüências válidas (72,5%), com comprimento médio de 450 pares de base. A análise comparativa das seqüências permitiu o agrupamento das mesmas em um total de 3099 *clusters*, sendo 2315 *singletons* (74,7%), denotando a existência de uma elevada diversidade de mRNAs produzidos em plântulas e sugerindo o elevado potencial deste tipo de abordagem para a identificação de genes de interesse em *Eucalyptus*.

Apoio Financeiro: Fundo Verde-Amarelo/FINEP; *Rede Genolyptus*.