

## OS ESTADOS UNIDOS SELECIONARAM O GENOMA DO EUCALIPTO PARA SER SEQUENCIADO E CARACTERIZADO

OAK RIDGE, Tenn (EUA), 3 Julho 2007 – Reconhecendo o singular mérito do género eucalipto e o conhecimento genómico já gerado por uma rede de investigadores internacionais, o *U.S. Department of Energy Joint Genome Institute* (DOE-JGI) decidiu, através do seu *Community Sequencing Program* (CSP) sequenciar e disponibilizar publicamente os 600-milhões de nucleótidos do DNA do genoma de *Eucalyptus grandis*. Pretende-se maximizar o potencial internacional de diversas espécies de eucalipto para a produção de pasta e papel, captação de carbono atmosférico e produção de bioenergia.

A proposta para sequenciar o genoma de eucalipto concorreu com 120 trabalhos e tem um custo estimado em US\$ 10 milhões. O esforço científico para propor a sequenciação do genoma do eucalipto, reuniu contribuições científicas de mais de vinte instituições internacionais e foi liderado pelo Professor Alexander Myburg da Universidade de Pretória (África do Sul), tendo como colaboradores próximos o Professor Dário Grattapaglia da EMBRAPA e Universidade Católica de Brasília (Brasil) e o Doutor Jerry Tuskan do *Oak Ridge National Laboratory* (EUA). A partilha da informação de bibliotecas privadas de sequências de eucalipto produzidas pela rede *Genolyptus* e pela empresa *ArborGen* contribuíram significativamente para a decisão final do DOE-JGI!

A rede de pesquisa genómica de eucalipto, *Genolyptus*, agrega 13 empresas Brasileiras, 8 instituições públicas de investigação Brasileiras e o RAIZ – o Instituto de Investigação da Floresta e Papel (Portugal). Esta rede aporta a este ambicioso esforço de descodificação do genoma de eucalipto, mais de 120 000 sequências e recursos de mapeamento genético necessários para a ordenação e anotação da compilação final. A empresa *ArborGen LLC*, com sede nos Estados Unidos, e a sua associada *Rubicon Limited*, com sede na Nova Zelândia, vão disponibilizar mais de 240 000 sequências de eucalipto, assim como conhecimento que permitirá a transformação do clone modelo de *E. grandis* que vai ser sequenciado, para fins de confirmação da função de genes candidatos.

O género *Eucalyptus* é um dos mais disseminados, em termos de plantação florestal, no mundo inteiro, agrupando mais de 700 espécies diferentes e incluindo algumas das espécies lenhosas de crescimento mais rápido no mundo. Existem cerca de 18 milhões de hectares de eucalipto no mundo, em 90 países, cuja exploração permite aliviar significativamente a pressão sobre a extensão e biodiversidade das florestas tropicais. O *Eucalyptus globulus* é considerada a espécie de eleição para a produção de pasta e papel e Portugal alberga cerca de 32% da área mundial onde esta espécie consegue crescer. Para além disso o género *Eucalyptus* é candidato de eleição no esforço internacional de sequestro de carbono da atmosfera, conseguindo fixa-lo a uma taxa de 10 toneladas/hectare/ano, resultando num balanço positivo de carbono, mesmo quando a madeira é usada para gerar energia ou para a produção de pasta e papel.

O genoma do eucalipto será o segundo genoma de uma espécie florestal, e o sexto de uma planta a ser integralmente sequenciado. Segundo o Professor Myburg, a descodificação do genoma do eucalipto vai permitir revelar o circuito molecular responsável pela sua excepcional adaptabilidade e produtividade. O

professor Tuskan acrescenta que para além disso, a informação produzida permitirá aprofundar o conhecimento actual sobre as vias metabólicas e o entendimento dos processos de tolerância ao stress biótico e abiótico, abrindo também oportunidades únicas de análise genómica comparativa com o choupo (*Populus*), a primeira árvore a ser sequenciada também pelo DOE-JGI e colaboradores, em 2006. O Professor Brad Potts da Universidade da Tasmânia (Austrália), defende que a história evolutiva dos eucaliptos, o seu papel de espécie fundadora e a sua capacidade de adaptação a ambientes marginais tornam este género um modelo ideal para expandir os conhecimentos fundamentais da biologia adaptativa de outras plantas perenes.

A coordenação e disseminação da informação resultante deste projecto será feita pela rede internacional de investigadores de genómica de eucalipto, EUCAGEN ([www.eucagen.org](http://www.eucagen.org)). Esta rede foi estabelecida em 2004 com o objectivo de promover a geração de recursos públicos necessários à investigação genómica. Dela fazem parte mais de 140 cientistas de 82 instituições de investigação públicas e privadas, incluindo duas Portuguesas. Espera-se que este número aumente significativamente, uma vez que a disponibilização da sequência completa de uma espécie de eucalipto, e as ferramentas daí resultantes, abrirão múltiplas oportunidades para a exploração dos recursos deste organismo ímpar. Face à indústria, recursos biológicos e capacidade científica já instalada no país, a comunidade científica Portuguesa está numa posição privilegiada para poder aproveitar, com benefício fundamental e aplicado este recurso, que se prevê estar disponível dentro de três anos.

###

Para mais informações contactar:

Alexander Myburg, University of Pretoria, [zander.myburg@up.ac.za](mailto:zander.myburg@up.ac.za), Tel +27 12 420 4945

<http://fabinet.up.ac.za/eucgenomics/>

Dario Grattapaglia, EMPRAPA, [dario@cenargen.embrapa.br](mailto:dario@cenargen.embrapa.br), Tel +55 61 4484652

<http://www.ucb.br/posgraduacao/biotecnologia/dario.htm>

Gerald Tuskan, Oak Ridge National Laboratory, [gtk@ornl.gov](mailto:gtk@ornl.gov), Tel +1 865 576 8141

<http://www.esd.ornl.gov/PGG/>

Cristina Marques, Raiz – Inst. Investigação da Floresta e Papel, [crismarq@itqb.unl.pt](mailto:crismarq@itqb.unl.pt), Tel +351 21 4469537

<http://www.Raiz-iifp.pt/index.html>