Projeto GENOLYPTUS

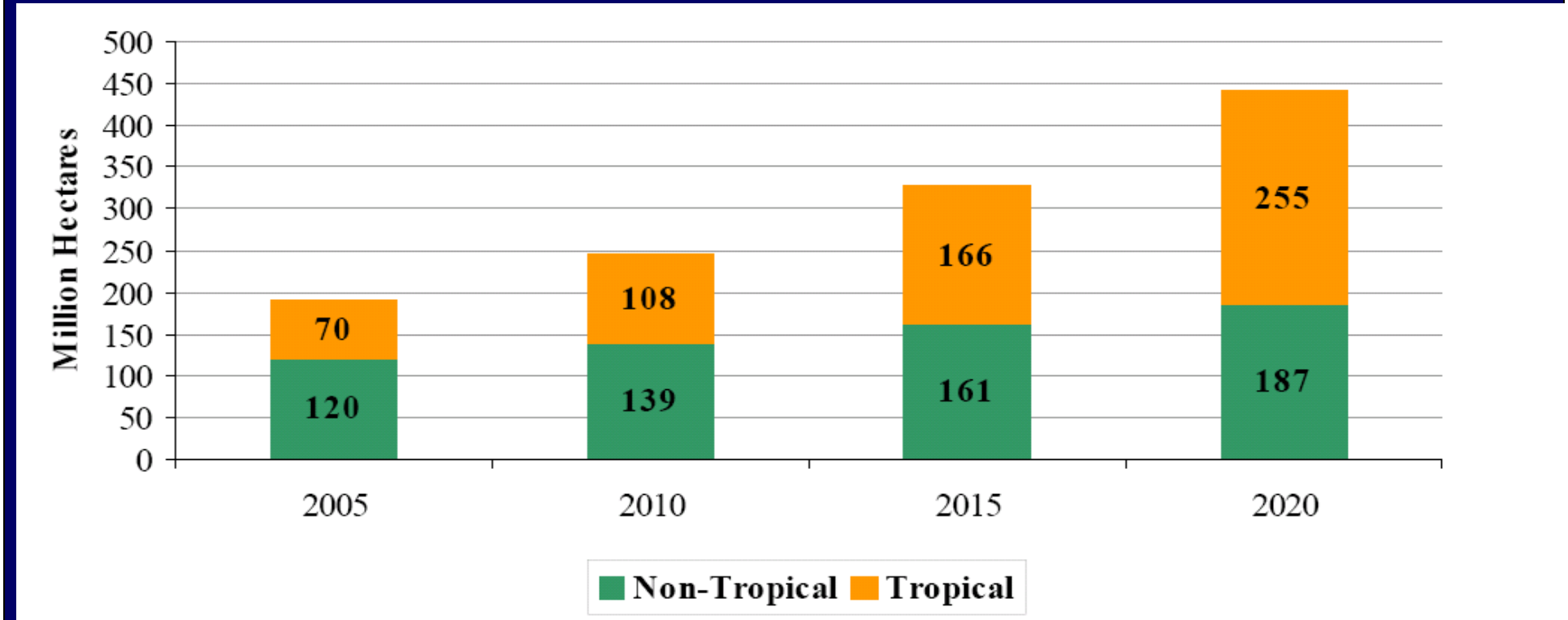
Rede Brasileira de Pesquisa do Genoma de Eucalyptus

construíndo recursos genômicos para o melhoramento genético do eucalipto em uma parceria público-privada

Dario Grattapaglia - Coordenador

✓ EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia e Universidade Católica de Brasília

Projeções da área de floresta plantada no mundo



- ✓ O eucalipto envolve as espécies florestais mais produtivas e mais plantadas nos trópicos
- ✓ Em 2020 a celulose de Eucalyptus terá 60% do mercado mundial de celulose de fibra curta
- ✓ O eucalipto terá ainda uma participação cada vez maior no mercado mundial de madeira serrada substituindo com vantagem a madeira derivada de florestas tropicais nativas

Fonte: FAO , GLOBAL WOOD AND WOOD PRODUCTS FLOW 2007

Guia do

EUCALIPTO

Oportunidades para um desenvolvimento sustentável

Conselho de Informações sobre Biotecnologia

EUCALIPTO

Oportunidades para um desenvolvimento sustentável

O mundo se curva diante da competitividade do setor florestal brasileiro, fruto de nossas condições climáticas e da tecnologia desenvolvida pelas empresas e instituições de pesquisa do País. Não se trata de força de expressão. Os números apontam que o segmento é responsável por 3,5% do PIB, US$ 4,8 bilhões em impostos e US$ 6,1 bilhões em exportações. Para movimentar essa máquina, o setor emprega 4,6 milhões de pessoas, quase 5% da população economicamente ativa do Brasil.

Nesse cenário, as plantações de eucalipto no Brasil ocupam mais de 3,7 milhões de hectares. E a tecnologia – neste caso, a Biotecnologia – pode contribuir ainda mais para que o Brasil se mantenha na posição de liderança no mercado mundial. Essa é a principal razão pela qual o Conselho de Informações sobre Biotecnologia decidiu editar o presente guia.

Aqui você encontrará informações desde a origem da cultura do eucalipto, passando por seu melhoramento genético convencional, até sua evolução pela Biotecnologia, que, ao contribuir para desenvolver novas características – a exemplo do maior rendimento industrial –, está estabelecendo uma realidade diferente para a produção florestal brasileira, particularmente para a eucaliptocultura.

Esperamos que este material sirva de fonte de informação e pesquisa para educadores, estudantes, agricultores, jornalistas e representantes da sociedade interessados no tema.

Boa leitura!

Conselho de Informações em biotecnologia
www.cib.org.br

O Brasil ainda planta muito pouca floresta !!!!!

Tabela 3 – Ranking dos países com maiores plantios florestais

País	Superfície terrestre (1000 ha)	Total de florestas (1000 ha)	Florestas plantadas (1000 ha)	% de floresta plantada em relação ao total de florestas	% de florestas plantadas em relação a área da superfície terrestre
China	932.743	163.480	45.083	27,6%	4,8%
Índia	297.319	64.113	32.578	50,8%	11,0%
Rússia	1.688.851	851.392	17.340	2,0%	1,0%
Estados Unidos	915.895	225.993	16.238	7,2%	1,8%
Japão	37.652	24.081	10.682	44,4%	28,4%
Indonésia	181.157	104.986	9.871	9,4%	5,4%
Brasil	**845.651**	**543.905**	**4.982**	**0,9%**	**0,6%**
Nova Zelândia	26.799	7.946	1.542	19,4%	5,8%
Chile	74.881	15.536	2.017	13,0%	2,7%
Canadá	922.097	244.571	0	0,0%	0,0%
Austrália	768.230	154.539	1.043	0,7%	0,1%
Tailândia	51.089	14.762	4.920	33,3%	9,6%
Ucrânia	57.935	9.584	4.425	46,2%	7,6%
Irã	162.201	7.299	2.284	31,3%	1,4%
Demais países	6.101.400	1.437.268	33.728	2,3%	0,6%
TOTAL	13.063.900	3.869.455	186.733	4,8%	1,4%

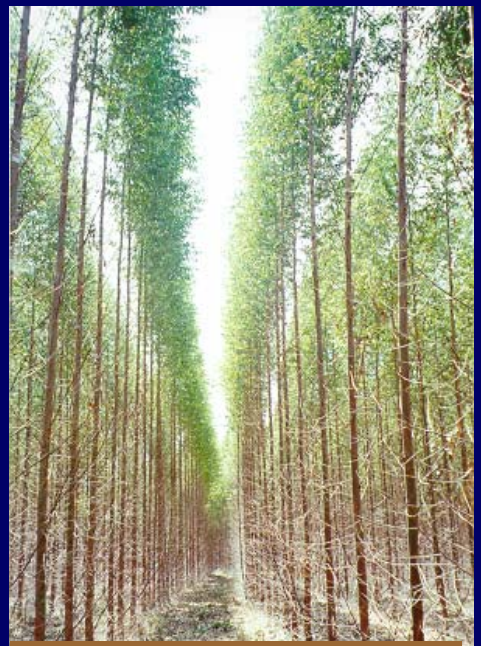
Fonte: FAO Forestry Department, 2005

Tabela 2 – Vantagens comparativas e competitivas do setor de florestas plantadas no Brasil

Vantagens comparativas	Vantagens competitivas
• Disponibilidade de áreas para expansão florestal	• Tecnologias silviculturais aprimoradas
• Condições climáticas tropicais	• Melhoramento genético criativo e avançado
• Alto índice de insolação	• Clonagem eficiente de árvores superiores
• Chuvas bem distribuídas ao longo do ano em várias áreas	• Qualificação de profissionais e cientistas na área florestal
• Menores custos de produção	• Práticas de gerenciamento e integração floresta-indústria

Brasil é líder na inovação e adoção de tecnologias para o melhoramento de *Eucalyptus*

Cruzamentos controlados



Testes de progênie

Seleção de árvores elite

Marcadores moleculares em apoio ao melhoramento

Plantios clonais de alta produtividade

Clonagem de árvores elite

Conceito de árvore como "fábrica" de celulose

- ✓ Redução do consumo específico de madeira para produção de celulose: m^3 de madeira por tonelada de celulose
- ✓ Aumento de produtividade florestal: ton de celulose/hectare
- ✓ Combinação de grande volume de madeira e baixo consumo específico de madeira garante o baixo custo desse insumo na composição dos custos industriais
- ✓ *Melhoramento genético é a chave para a competitividade*
- ✓ *Genômica é mais uma ferramenta para o melhorista*

Valor econômico comparativo de crescimento volumétrico x rendimento em celulose em *Eucalyptus*

- ✓ Densidade da madeira e rendimento em celulose são características fortemente correlacionados
- ✓ Densidade da madeira e consequentemente rendimento em celulose são 3 vezes mais importantes do que crescimento volumétrico no custo final da celulose
- ✓ *Ganhos de 10% no consumo específico (ex. reduzindo de 3,6 para 3,24 m^3/ton celulose) corresponde a um ganho de 30% em crescimento volumétrico (ex. aumentar de 35 para 50 m^3/ha/ano)*
- ✓ Ganhos ocorrem ao longo de toda a cadeia produtiva (uso da terra, colheita, transporte, eficiência industrial) uma vez que estes perfazem 2/3 do custo de produção da celulose

(Fonte: Borralho et al. 1993)

Variabilidade interespecífica em *Eucalyptus*

ESPÉCIE	AMI m^3/ha/ ano	PULP YIELD (%)	DENS (g/cm^3)	S5 (%)	SPEC. CONS. (m^3/ton)	LIGNIN (%)
E. grandis	**42**	50	0,42	10	4,7	25,5
E. tereticornis	25	46	0,56	9	3,8	30
E.saligna	36	49	0,46	9	4,4	26
E. urophylla	30	49	0,48	11	4,2	28
E. globulus	25	**54**	**0,55**	**15**	**3,3**	**22**

Dados de Teotônio F. De Assis 2003

Eucalyptus globulus:

Paradigma de qualidade da madeira para celulose

- ✓ Melhor combinação de propriedades da madeira para papel e celulose
- ✓ Requer cerca de 25% menos madeira para produzir uma ton. de celulose
  - ✓ *E. grandis*: 3,89 m^3/ton de celulose
  - ✓ *E. globulus*: 2,98 m^3/ton de celulose
- ✓ Maior comprimento e espessura de fibra
- ✓ Maior conteúdo de holocellulose
- ✓ Maior flexibilidade de fibra
- ✓ Densidade na faixa de 550 kg/m^3
- ✓ Menor necessidade de energia no processo industrial
- ✓ Melhor preservação das fibras no processo

Clone 1

Clone 2

Clone 3

Clone 4

Clone 5

Clone 6

Clone 7

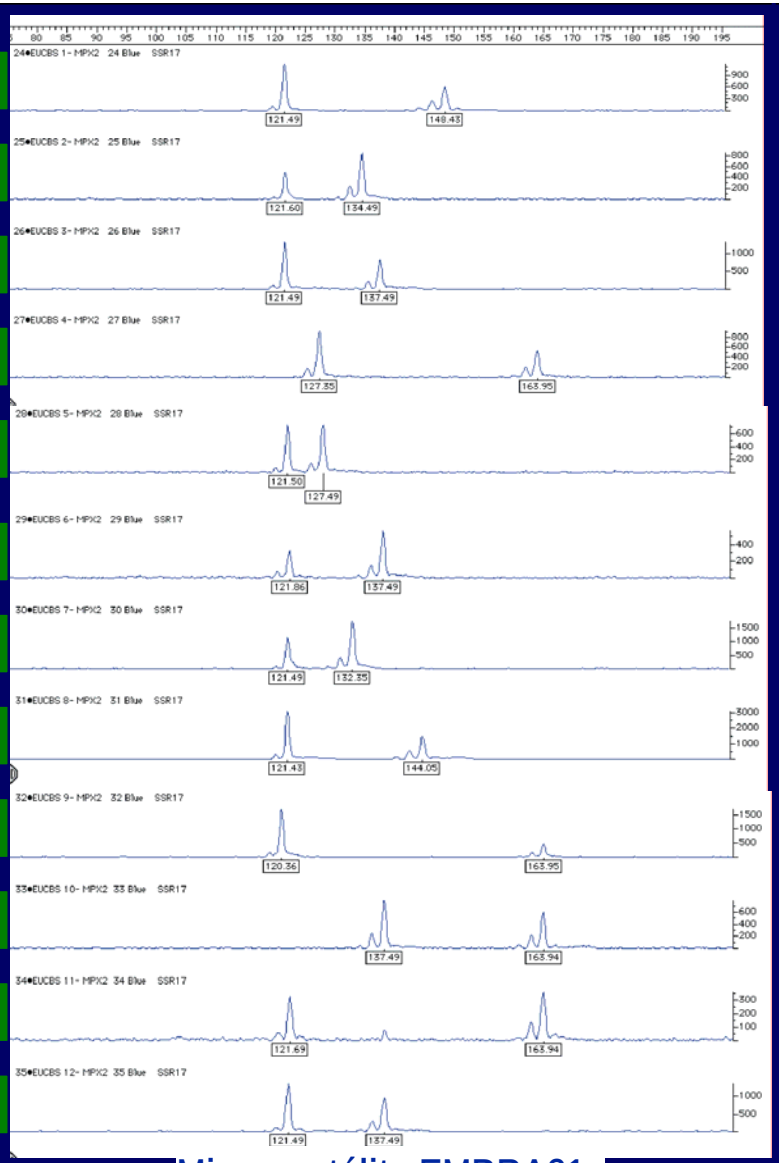
Clone 8

Clone 9

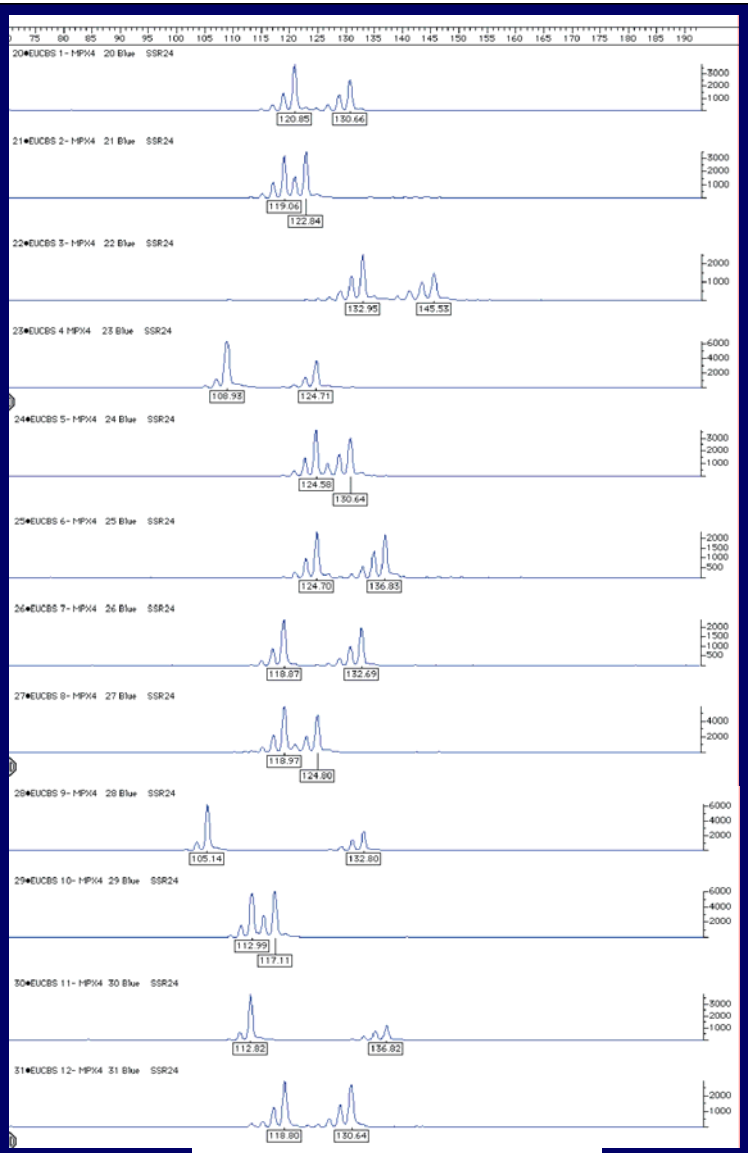
Clone 10

Clone 11

Clone 12



Microssatélite EMBRA21



Microssatélite EMBRA5

Certificação de identidade de clones de *Eucalyptus* pela análise de DNA

Journal of Heredity 2005;96(2):1–6
doi:10.1093/jhered/esi023

© 2005 The American Genetic Association

Power of Microsatellite Markers for Fingerprinting and Parentage Analysis in *Eucalyptus grandis* Breeding Populations

M. Kirst, C. M. Cordeiro, G. D. S. P. Rezende, and D. Grattapaglia

IMPRENSA NAC

A fonte oficial da inform

Governo Federal Casa Civil da Presidência da

OBRAS

JORNAIS OFICIAIS

Edição do dia:

Diário Oficial

Eletrônico

Seção 1 2 3

Em PDF

Seção 1 2 3

Ed. Extra

Orçamento 2001

Diário da Justiça

Em PDF

PÁGINA INICIAL VOLTA

DIÁRIO OFICIAL - Nº24 - Seção

Imprimir matéria

Serviço Nacional de Proteção de Cultivares

ATOS DE 11 DE JANEIRO DE 2002

Em cumprimento ao disposto no § 2º, do art. 4º, da Lei nº 9.456, de 25 de abril de 1997, e no inciso III, do art. 3º, do Decreto nº 2.366, de 5 de novembro de 1997, e o que consta do Processo nº 21806.000865/2001-60, o Serviço Nacional de Proteção de Cultivares divulga, para fins de abertura de pedidos de proteção de cultivares para a espécie EUCALIPTO, Gênero Eucalyptus, Sub-gênero Symphyomyrthus, Seções Transversaria, Exsertaria, Maidenaria, os descritores definidos na forma do Anexo I.

VIII. INFORMAÇÕES ADICIONAIS

1. MARCADORES MOLECULARES

Inclui-se marcadores moleculares como "Informações Adicionais", sendo que sua apresentação é facultativa. Sugere-se que o obtentor utilize os marcadores de acordo com metodologia a ser publicada pelo SNPC, de maneira a permitir a comparação de resultados.

Genômica na medicina e agropecuária

Característica /doença com componente genético
monogênica x multifatorial

↓

Gene mapeado – mapas genéticos e físicos

↓

Gene identificado – sequência do genoma

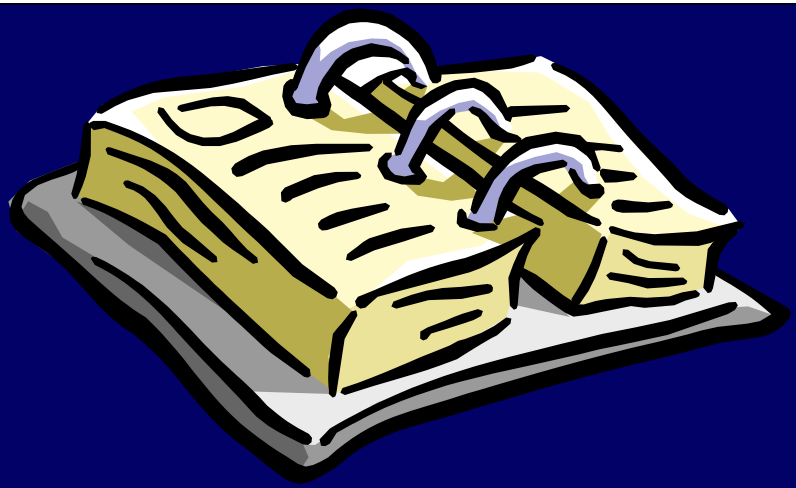
↓

Diagnóstico

Humanos
Prevenção
Farmacogenômica
Terapia gênica

Plantas e animais
Seleção assistida
Transformação

O genoma é como uma lista telefônica



LISTA TELEFÔNICA

- ✓ Nomes de pessoas
- ✓ Sobrenomes comuns entre pessoas podem indicar relacionamento, função
- ✓ Endereço, bairro, vizinhança
- ✓ Profissão, função ??
- ✓ Interações com outras pessoas e redes de relacionamento ??

SEQUÊNCIA DO GENOMA

- ✓ Nomes de genes
- ✓ Sequências comuns entre genes indicam relacionamento de função
- ✓ Local no genoma, vizinhanças etc.
- ✓ Função ??
- ✓ Interações com outros genes e cadeias metabólicas ??

O GRANDE DESAFIO PARA O PRÓXIMO SÉCULO É DESVENDAR A FUNÇÃO DOS GENES E SUAS INTERAÇÕES NA DEFINIÇÃO FINAL DA COMPLEXIDADE DO FUNCIONAMENTO DO ORGANISMO

Projeto Genolyptus

1. *Geração de um plataforma de informações e recursos genômicos*
2. *Estabelecimento de uma rede de populações experimentais para pesquisa genômica*
3. *Mapeamento, identificação e determinação de função de genes envolvidos na formação da madeira e resistência a doenças*
4. *Estabelecimento das bases para iniciativas empresariais visando a incorporação de tecnologias genômicas nos programas de melhoramento*

CT BRASIL
Ministério da Ciência e Tecnologia

35 ANOS FINEP
Financiadora de Estudos e Projetos

CNPq

Pontos positivos que viabilizaram o projeto

- ✓ Pesquisa em genética e melhoramento tem forte histórico de geração de ganhos e competitividade na industria de base florestal
- ✓ Existência de competência técnico-científica no setor privado
- ✓ Existência de competência científica nas Universidades reconhecida no setor privado
- ✓ Envolvimento dos cientistas das empresas desde o início da concepção do projeto
- ✓ Atribuição clara de responsabilidades no plano de trabalho
- ✓ Projeto na interface entre genômica e melhoramento: todos se relacionam com o que está sendo feito
- ✓ Perspectivas de crescimento e atualização profissional individual dos cientistas seja das Universidades como das empresas

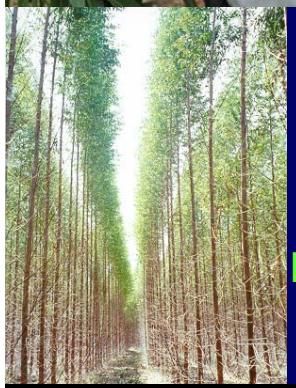
Fenotipagem em população segregante

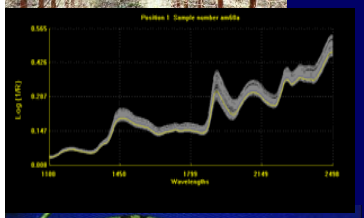
Mapa genético (SSR, AFLP, RAPD)

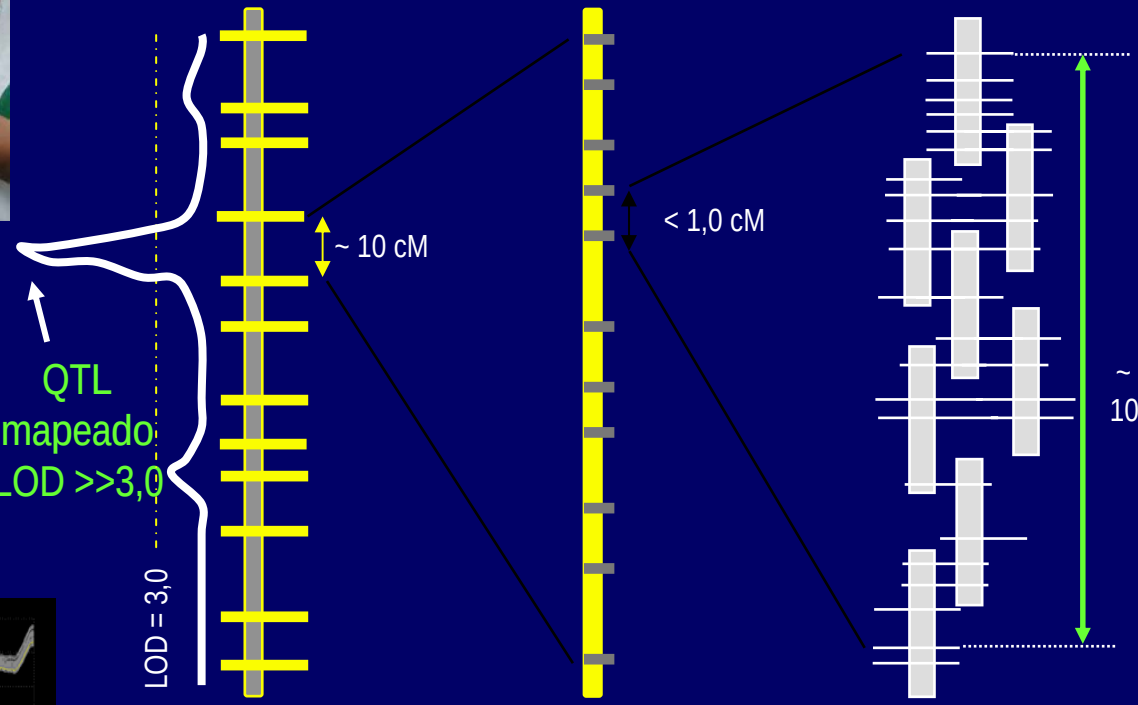
Mapa genético de alta resolução (AFLP, SNPs)

Mapa físico trilha mínima (*Fingerprinting* de BAC)

Identificação e validação do gene-alvo







Mapeamento de genes candidatos derivados de análises de bioinfo ou QTLs de expressão

Mapeamento de associação (*whole genome scan*, genes candidatos)

Sequenciamento *shotgun* de baixa cobertura e anotação

Testes funcionais via transformação genética (complementação, superexpressão, silenciamento)

Abordagem de genética direta (*forward genetics*) de fenótipos a genes

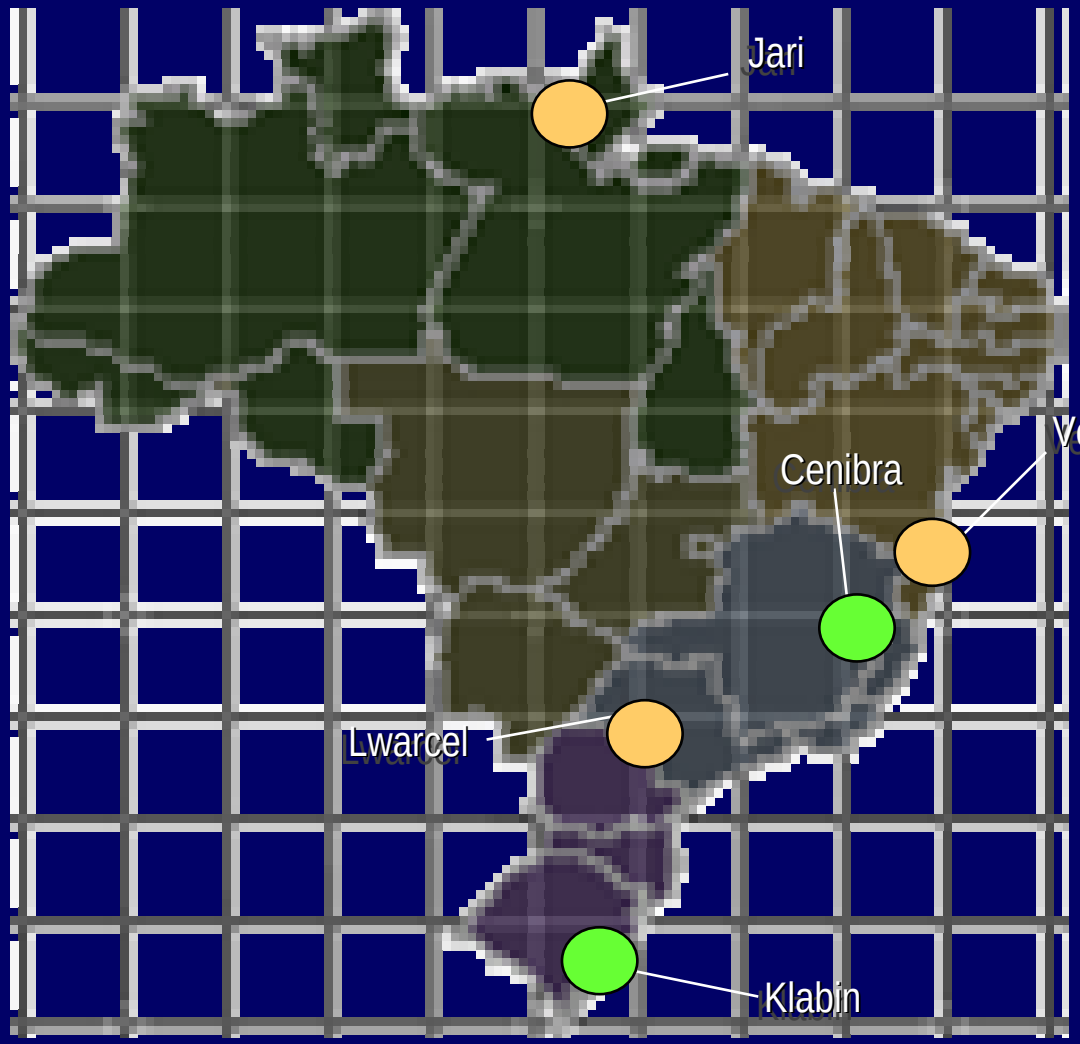
Instituições participantes do projeto GENOLYPTUS

Cruzamentos para geração de descendências no projeto GENOLYPTUS

	E. grandis Atherton Aracruz	*E. urophylla* Timor Cenibra	*E. globulus* K-Riocell	*E. dunni* K-Riocell	*E.camaldulensis* V-Mannsmann	*E. uro. x E. glob.* K-Riocell
E. grandis *Coffs Harb.* VCP	G1 x G2 (est. VCP x pól. AR)	G1 x U2 (est. VCP x pól. CE)	G1 x GL2 (est. VCP x pól. K-R)	G1 x D2 (est. VCP x pól. K-R)		G1 x (UxGL) (est. VCP x pól. K R)
E. urophylla (Flores) IP	U1 x G2 (est. IP x pól. AR)	U1 x U2 (est. IP x pól. CE)	U1 x GL2 (est. IP x pól. K-R)	U1 x D2 (est. IP x pól. K-R)	U1 x C2 (est. IP x pól. V-M)	U1 x (UxGL) (est. IP x pól. K-R)
E. globulus K-Riocell	G2 x GL1 (est. AR x pol. K-R)	U2 x GL1 (est. CE x pól. K-R)			C2 x GL1 (est. V-M x pól. K-R)	
E. dunni Rigesa	D1 x G2 (est. RG x pól. AR)	D1 x U2 (est. RG x pól. CE)	D1 x GL2 (est. RG x pól. K-R)	D1 x D2 (est. RG x pól. K-R)		D1 x (UxGL) (est. RG x pól. K-R)
E. camaldulensis V-Mannesmann	G2 x C1 (est. AR x pól. V-M)	U2 x C1 (est. CE x pól. V-M)	C1 x GL2 (est. V-M x pól. K-R)	C1 x D2 (est. V-M x pól. K-R)	C1 x C2 (est. V-M x pól. V-M)	C1 x (UxGL) (est. V-M x pól. K-R)
E. gran. x E. dunni K-Riocell	(GxD) x G2 (est. K-R x pól. AR)	(GxD) x U2 (est. K-R x pól. CE)	(GxD) x GL2 (est. K-R x pól. K-R)	(GxD) x D2 (est. K-R x pól. K-R)	(GxD) x C2 (est. K-R x pól. V-M)	(GxD) x (UxGL) (est. K-R x pól. K-R)

Cruzamentos entre materiais genéticos elite de diferentes empresas

Rede de experimentos de campo do projeto GENOLYPTUS: *instalada em 2003*



Locais principais de instalação dos experimentos

Locais complementares de instalação dos experimentos

Ampla variabilidade fenotípica para crescimento e qualidade da madeira

Programa operacional de diversas empresas brasileiras

Gerenciamento de diversidade e certificação de identidade genética e parentesco

- ✓ Caracterização de diversidade, estrutura e relacionamento genético entre indivíduos das populações de melhoramento
- ✓ Certificação de identidade de coleção de matrizes nos pomares de hibridação
- ✓ Monitoramento de tamanho efetivo (Ne) com a seleção nos testes de progênies puras (famílias de MI) para o avanço das gerações
- ✓ Certificação de parentesco dos testes de progênies híbridas
- ✓ Monitoramento do tamanho efetivo populacional (Ne) no programa de conservação genética das espécies puras (*E. grandis* e *E. urophylla*)
- ✓ Determinação de parentesco de árvores excepcionais selecionadas em testes de progênies de famílias de meios-irmãos, famílias derivadas de polymix multiespécies ou em plantios comerciais cujas sementes são oriundas de pomares de sementes da empresa
- ✓ Monitoramento e certificação da identidade genética de propágulos durante testes clonais e propagação comercial
- ✓ Verificação de identidade em processos de registro e proteção de clones e contratos de propagação, compra e intercâmbio de clones

Recursos genômicos para Eucalyptus

Expressed sequence tags

O impacto das novas tecnologias na geração de recursos genômicos

GENOLYPTUS EST database (Brazil)

- ✓ *produzido entre 2002 2004*
- ✓ *4 espécies ; 11 bibliotecas*
- ✓ *124,851 reads ~ 50 Mbp*
- ✓ *21,442 consensi*
- ✓ *A ser publicado em 2009*
- ✓ *1.5 ano – 1.5 milhões de US$*

UNIVERSITY OF FLORIDA (Kirst lab)

- ✓ *Produzido em 2007*
- ✓ *Pool de 21 árvores de E. grandis*
- ✓ *1,024,251 reads 148.4 Mbp*
- ✓ *29,000 consensi*
- ✓ *33.742 SNPs descobertos*
- ✓ *1.5 meses – 30 k US$*

Estudo comparativo
Sanger x 454 sequencing

BMC Genomics

BioMed Central

Research article

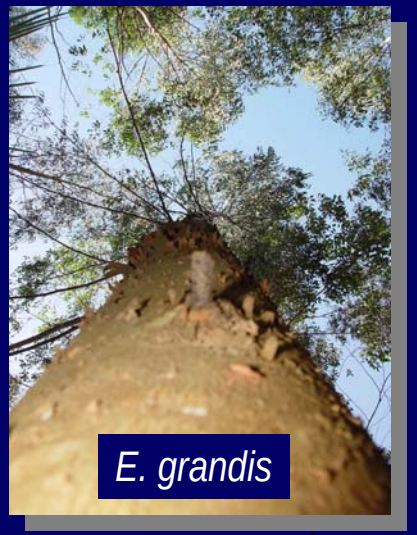
Open Access

High-throughput gene and SNP discovery in *Eucalyptus grandis*, an uncharacterized genome

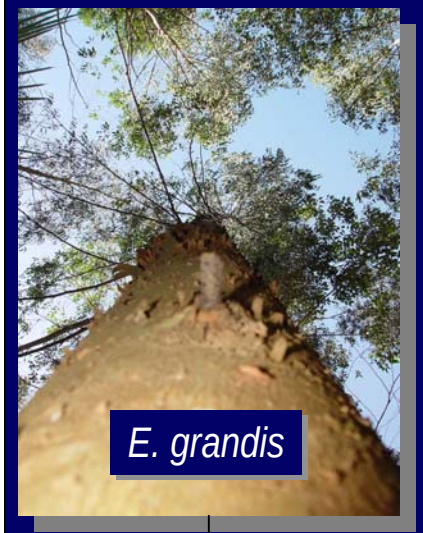
Evandro Novaes[†1], Derek R Drost[†1,2], William G Farmerie[3,4], Georgios J Pappas Jr[5,6], Dario Grattapaglia[5,6], Ronald R Sederoff[7] and Matias Kirst*[1,2,4]

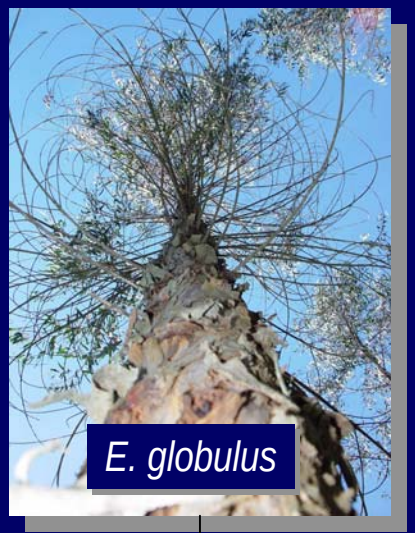
Address: [1]School of Forest Resources and Conservation, University of Florida, PO Box 110410, Gainesville, USA, [2]Plant Molecular and Cellular Biology, University of Florida, Gainesville, USA, [3]Interdisiplinary Center for Biotechnology Research, University of Florida, Gainesville, USA, [4]University of Florida Genetics Institute, University of Florida, Gainesville, USA, [5]Graduate Program in Genomic Sciences and Biotechnology, Universidade Católica de Brasília, Brasília, Brazil, [6]EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Brasília, Brazil and [7]Department of Genetics, North Carolina State University, Raleigh, USA

Diferenças entre tecidos



Diferenças entre genótipos



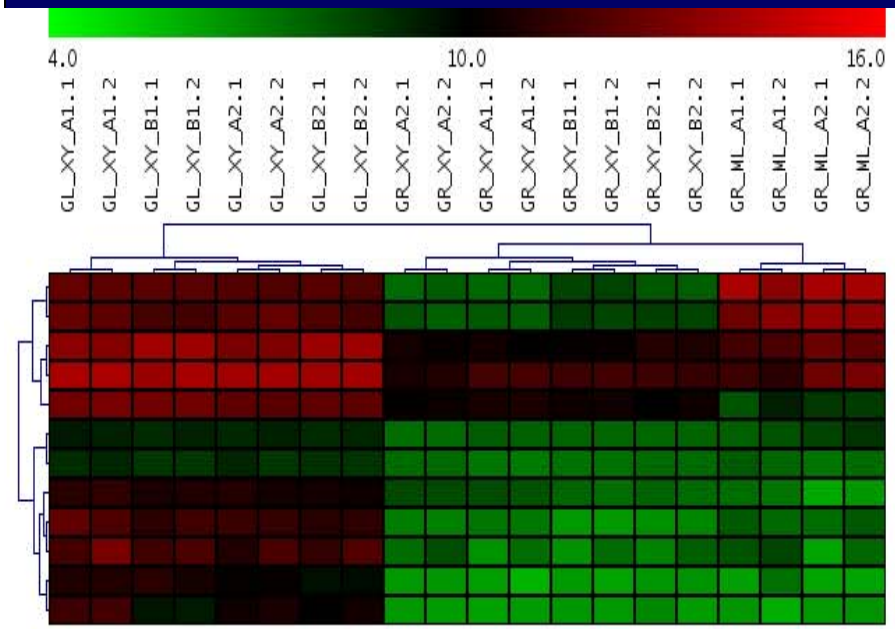


Diferenças entre espécies

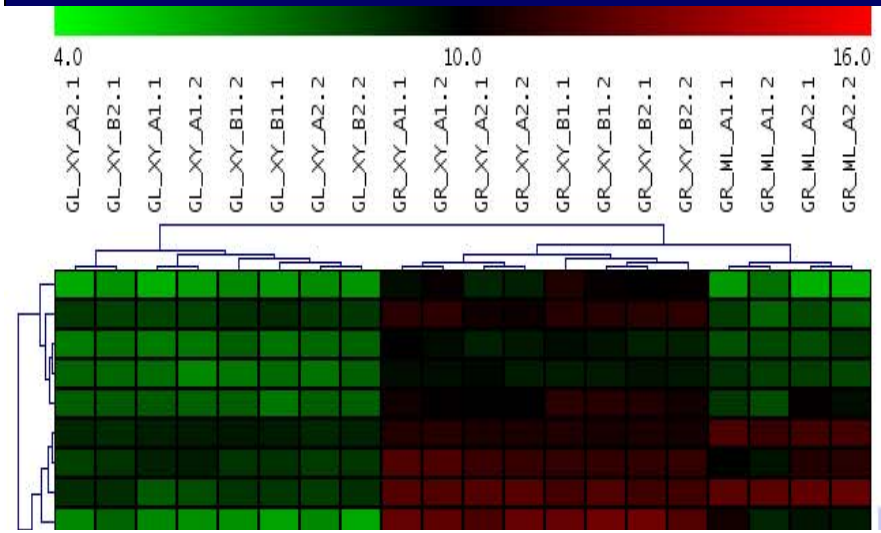
GENOLYPTUS *Chip*

Experimento piloto

Variação interespecífica: *E. globulus x E. grandis*



no hit
TIR-NBS disease resistance-like protein [(Populus tomentosa x P. bolleana) x P. to
unknown protein [Arabidopsis thaliana] gb|AAF79910.1| Contains similarity to SCUTL
putative aquaporin PIP1-2 [Vitis berlandieri x Vitis rupestris]
no hit
protein binding / ubiquitin-protein ligase/ zinc ion binding [Arabidopsis thaliana
unknown protein [Arabidopsis thaliana] gb|AAM62838.1| Yippee-like protein [Arabido
unknown protein [Arabidopsis thaliana] gb|AAM97053.1| unknown protein [Arabidopsis
Protein of unknown function DUF567 [Medicago truncatula]
no hit
no hit
SKP1 component [Medicago truncatula]

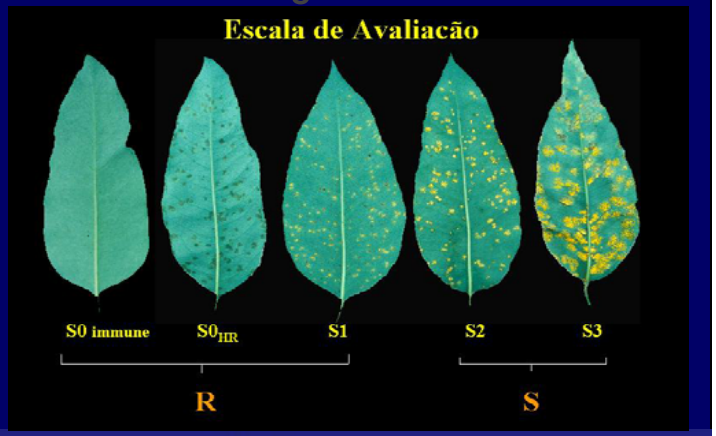


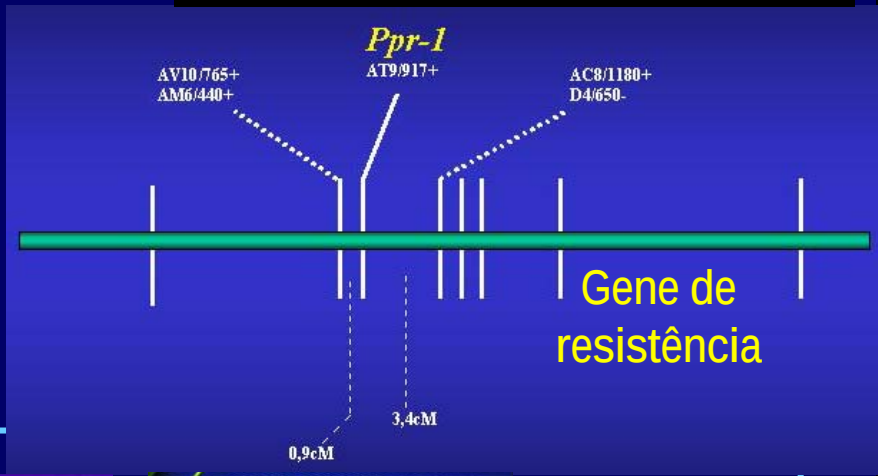
no hit
no hit
unknown protein [Arabidopsis thaliana] gb|AAD10685.1| Hypothetical protein [Arabic
alpha-mannosidase [Arabidopsis thaliana] gb|AAM47314.1| AT3g26720/MLJ15_12 [Arabic
Mal d 1-like [Malus x domestica]
nucleotide binding [Arabidopsis thaliana] gb|AAL47352.1| WD-repeat protein-like [A
Pyridoxal phosphate biosynthetic protein pdxA [Rhizobium sp. NGR234]
Similar to gb|X84260 POS5 gene product from Saccharomyces cerevisiae. EST gb|W4387
zinc transporter [Eucalyptus grandis]

Coleta de amostras de madeira para análise fenotípica via NIRS

Estudo de resistência a doenças

ferrugem, cancro, murcha-de-ceratocistis e mancha foliar de origem bacteriana

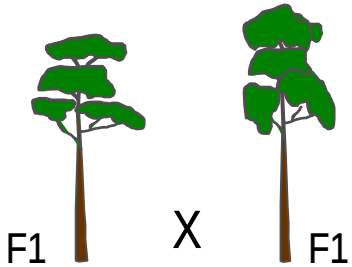




Vigor híbrido em nível de média de família

Vigor híbrido em nível de árvore individual dentro de família

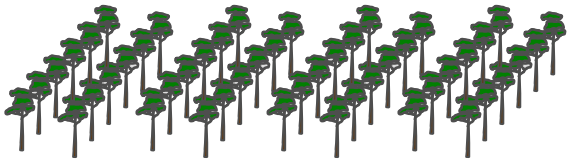
Fotos: Teotônio de Assis



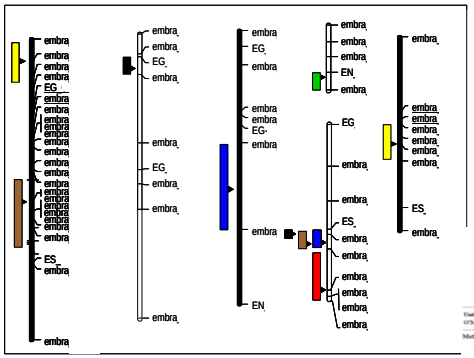
Cruzamento entre híbridos para maximização da segregação na F2

ETAPA DE DESCOBRIMENTO DE QTLSs

F2

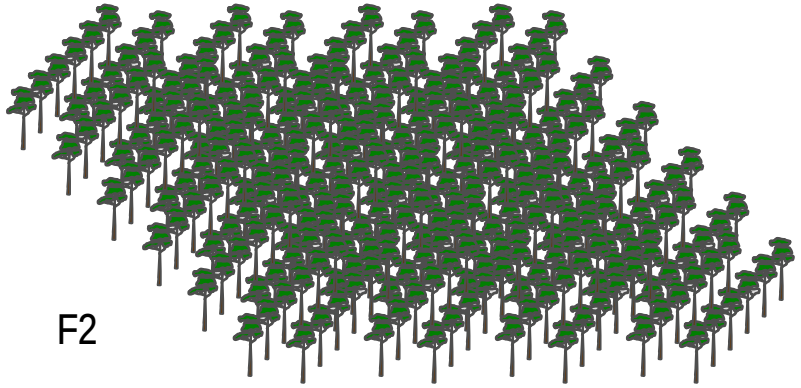


Mapeamento de QTLs para características de qualidade da madeira com expressão tardia



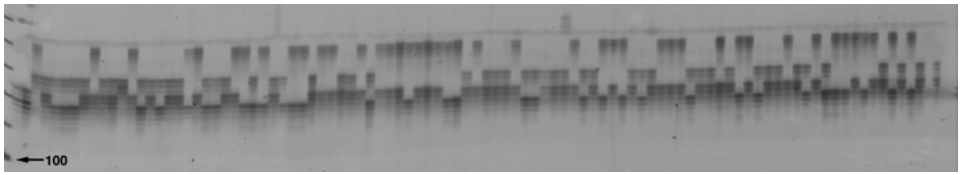
Informação de QTLs descobertos para características de expressão tardia (ex. qualidade da madeira)

ETAPA DE UTILIZAÇÃO DE QTLSs PARA SELEÇÃO ASSISTIDA



F2

Geração de um grande número de descendentes F2 (n >1000) da mesma família



Genotipagem de descendentes em idade ultra precoce (semanas) para marcadores ligados a QTLs para características de expressão tardia (ex. qualidade de fibra, teor de lignina, densidade básica) detectados na fase de mapeamento

Seleção assistida por marcadores para características de expressão tardia de descendentes. Estes são clonados para implantação de teste clonal. Teste clonal é otimizado pois envolve somente indivíduos pré-selecionados para características de expressão tardia.

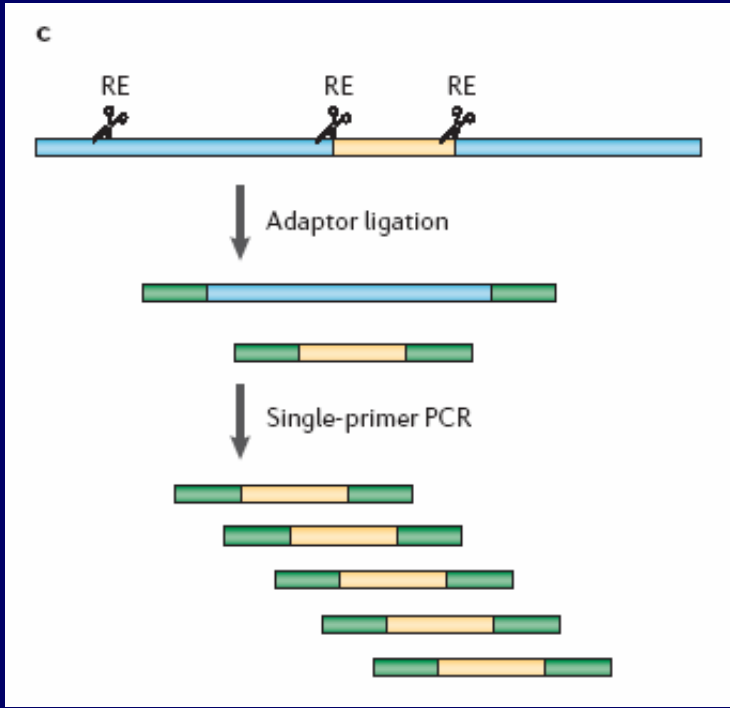
Genolyptus: produção científica e tecnologica e formação de talentos

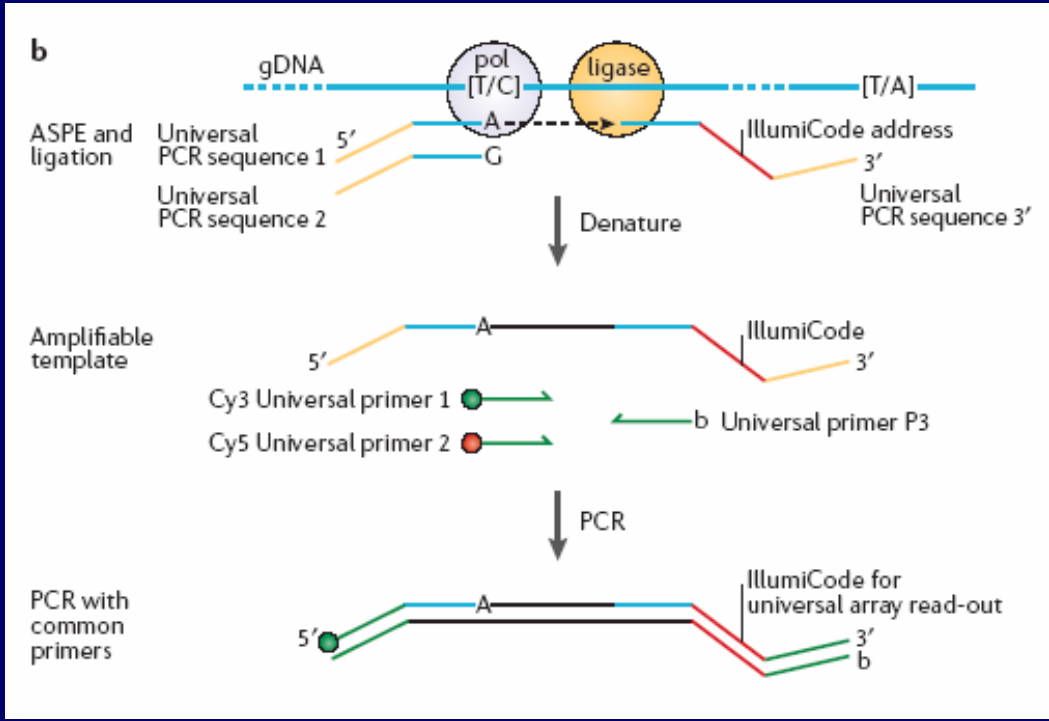
- ✓ *Geração e implementação de tecnologias otimizadas de certificação de identidade e parentesco de árvores elite com base na análise de DNA*
- ✓ *Geração e implementação de tecnologias para estudo de expressão gênica em paralelo de milhares de genes em Eucalyptus*
- ✓ *Geração de bases de dados, mapas genéticos e demais ferramentas genômicas hoje em utilização por várias das empresas participantes do projeto*
- ✓ Publicação de 37 artigos em revistas indexadas a maioria em revistas internacionais e mais 8 artigos submetidos ou em preparação
- ✓ Publicação de 10 capítulos de livros sendo 4 em livros internacionais
- ✓ Publicação de 22 artigos completos em congressos internacionais
- ✓ Defesa e publicação de 32 teses de mestrado ou doutorado
- ✓ Mais de 130 resumos publicados em congressos nacionais e internacionais
- ✓ Participação decisiva na produção de um livro sobre Biotecnologia Florestal
- ✓ Treinamento de ~ 40 bolsistas em diferentes níveis, vários deles hoje contratados como pesquisadores em empresas florestais, Universidades e Embrapa

27 4 2006

Novos projetos iniciados com base na plataforma de recursos genômicos criada no Genolyptus

Tecnologias de genotipagem de alto desempenho

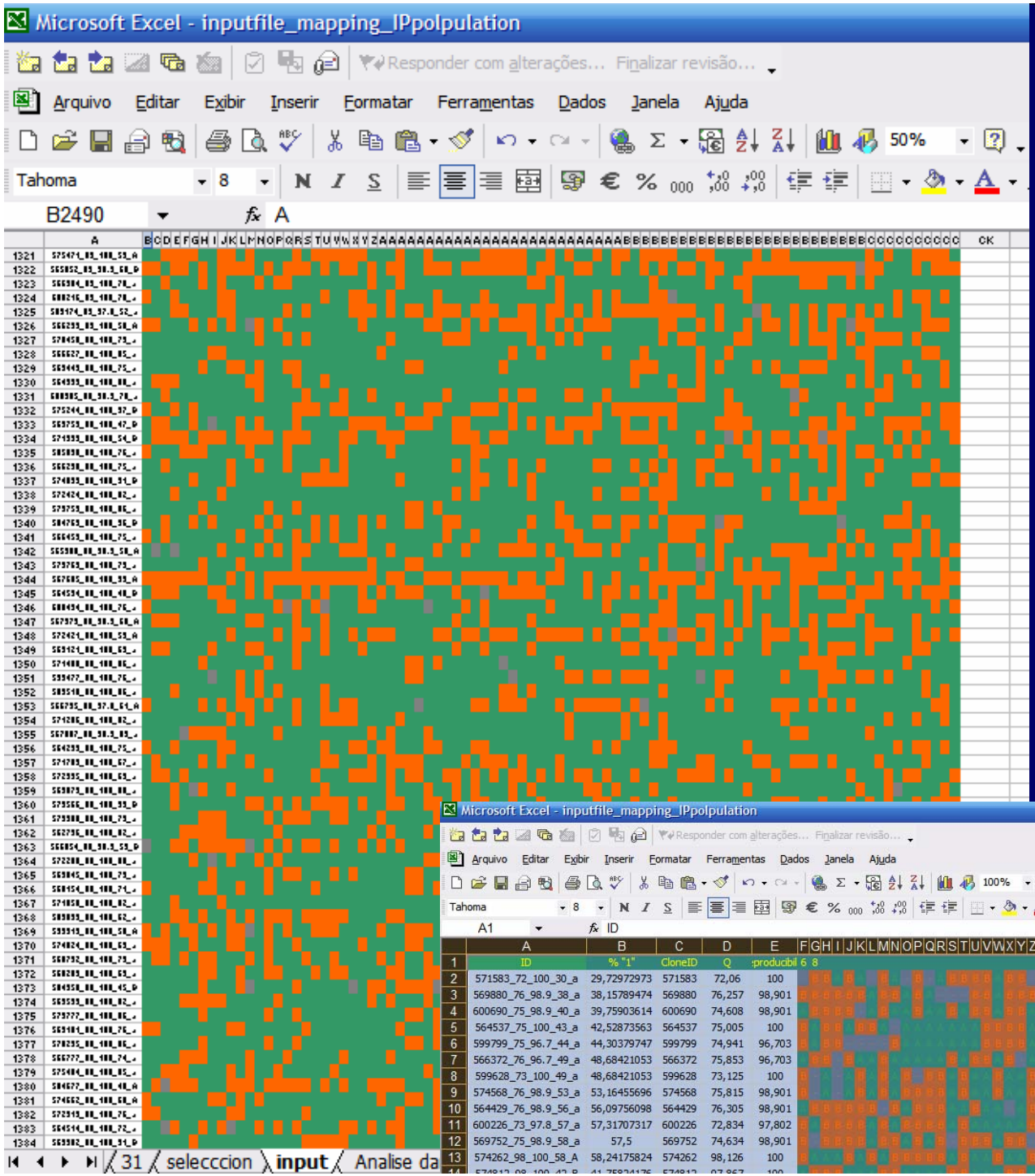




Microarranjos de representações genômicas reduzidas
(Ex. Diversity Arrays Technology DArT)
Milhares de marcadores por amostra a custo de ~ 0,005 US$/datapoint

Extensão de ligação de oligonucleotídeos loco específicos sobre arranjos de contas
(Ex. GoldenGate)
Milhares de marcadores por amostra a custo de ~ 0,10 a 0,05 US$/datapoint

Imagens extraídas de Fan et al. 2006 Nature Genetics Reviews



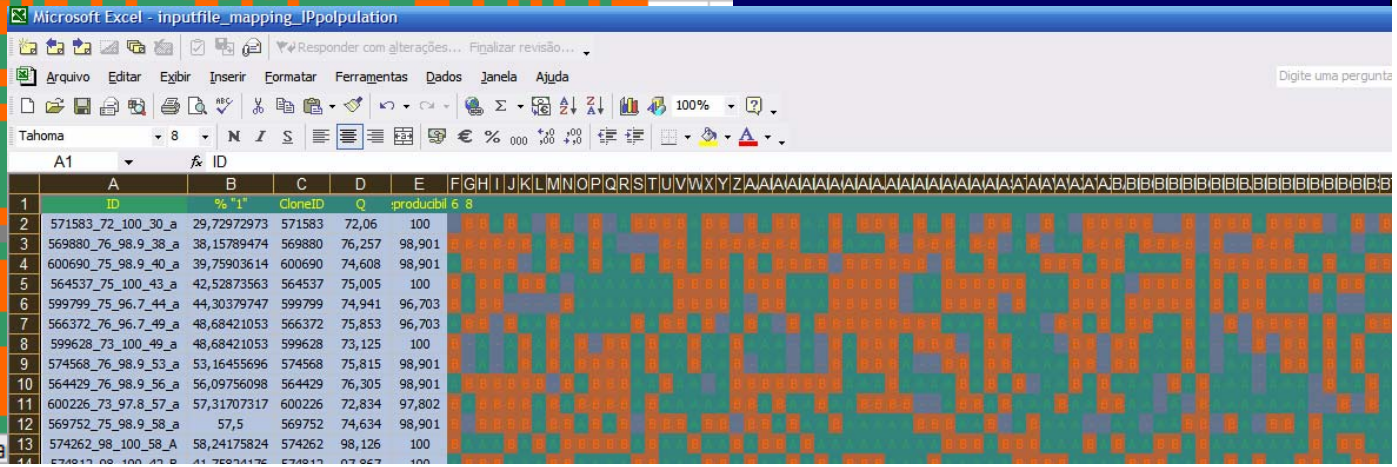
Eucalyptus DArT marker development

First "discovery array" with 14,592 clones derived from 11 genomic representations

Mapping population E. grandis x E. urophylla

2615 Markers scored with high quality

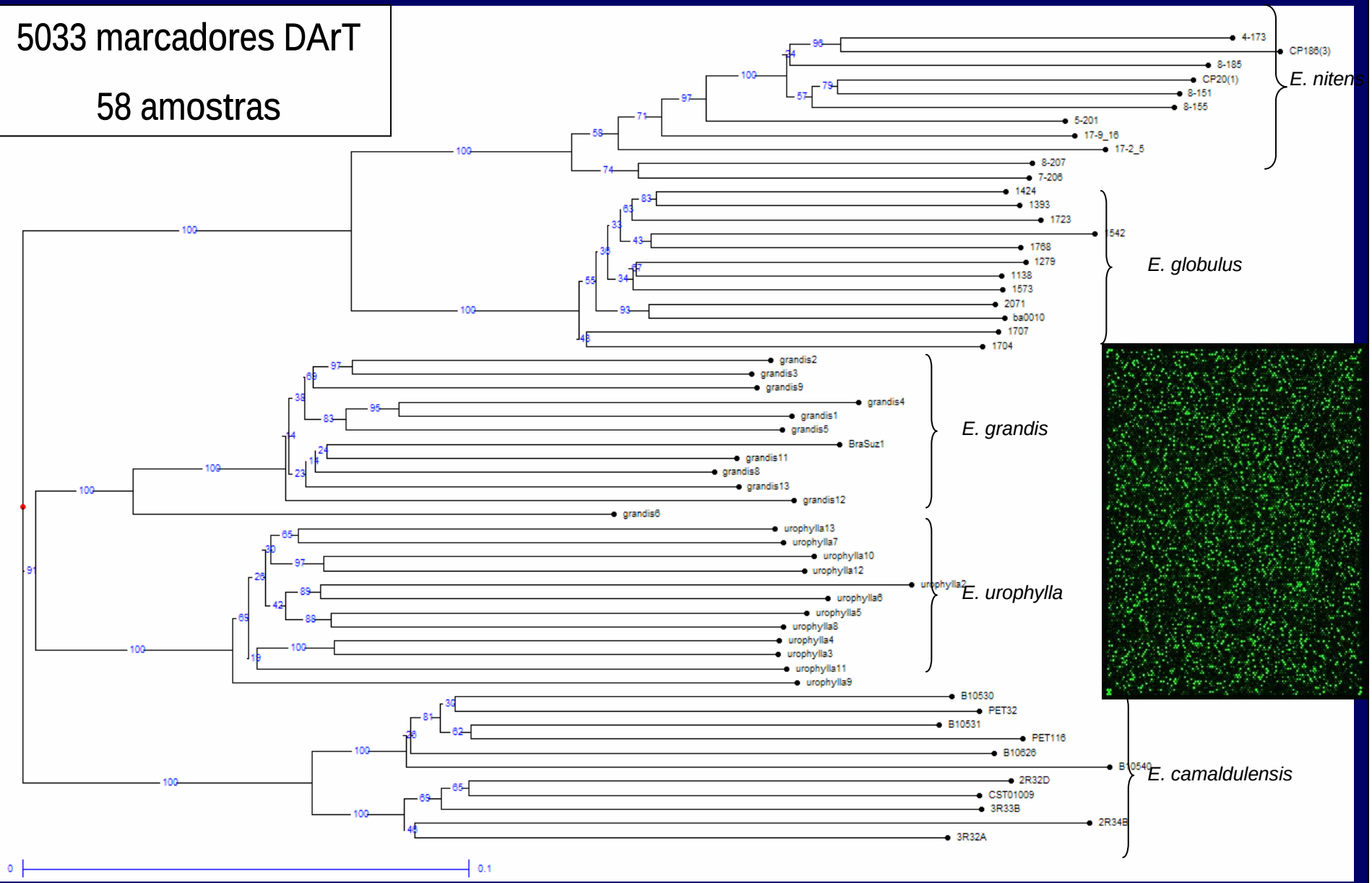
Markers segregating 1:1
at α <0.00002 - 1547
at α <0.05 - 1241



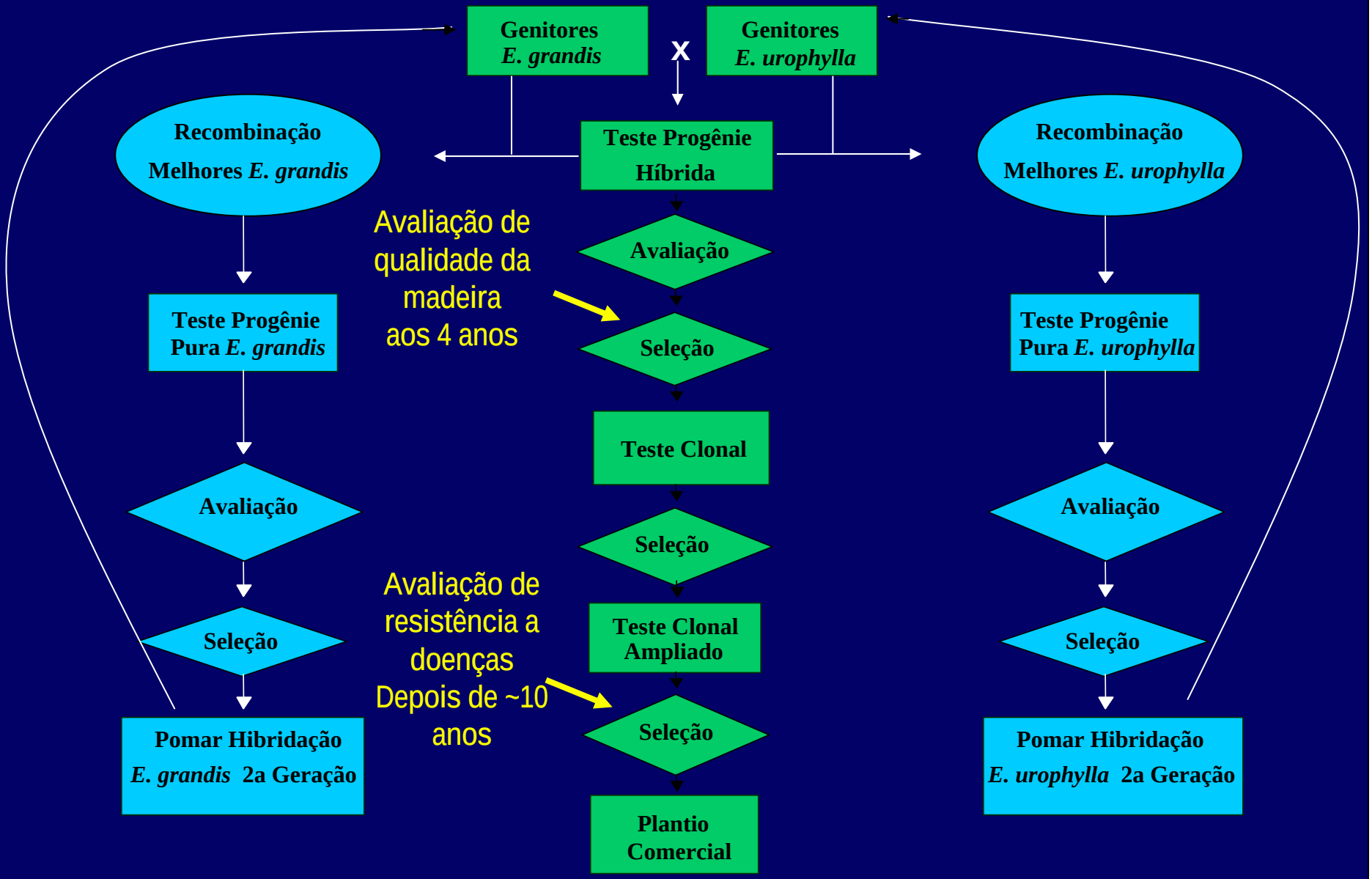
Polimorfismo em E. nitens, E. globulus, E. urophylla, E. grandis, E. camaldulensis - array teste de 14.600 fragmentos

5033 marcadores DArT

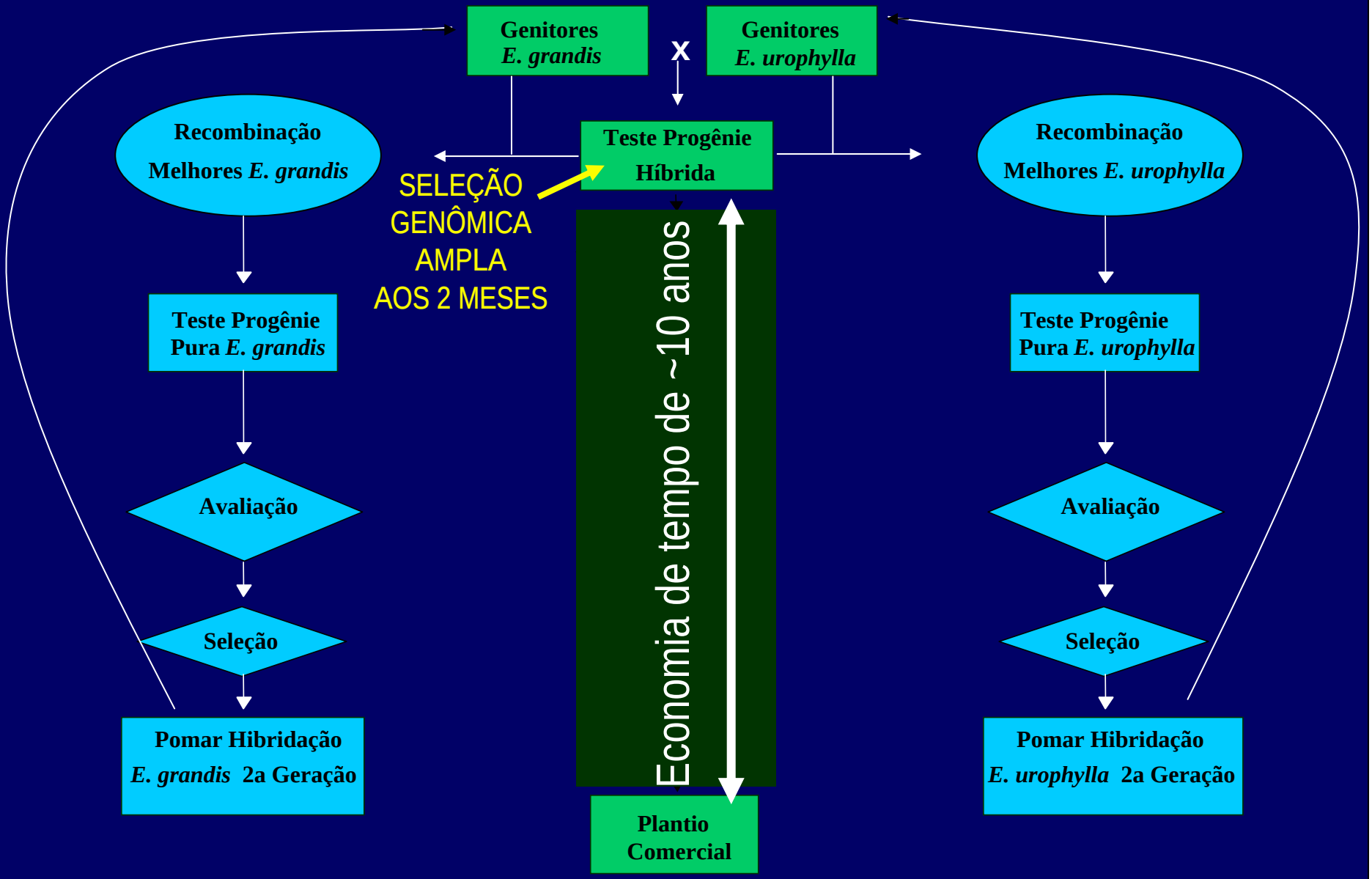
58 amostras



Programa de melhoramento de eucalitpo para seleção de novos clones



Programa de melhoramento de eucalipto - Seleção recorrente



Projeto mundial de sequenciamento do genoma de Eucalyptus

DOE JOINT GENOME INSTITUTE
US DEPARTMENT OF ENERGY
OFFICE OF SCIENCE

search jgi
contact us
site map
internal

[GO]

HOME | ABOUT US | PROGRAMS | SEQUENCING | JGI SCIENCE | MEETINGS | NEWS | EDUCATION | EMPLOYMENT

news

- JGI in the News
- Press Releases
- Scientific Publications

Press Release: June 8, 2007

DOE Joint Genome Institute Announces 2008 Genome Sequencing Targets

Eucalyptus, Foxtail Millet, Red Algae, and Novel Microbial Communities Added to Growing Bioenergy and Carbon Cycling Portfolio

WALNUT CREEK, CA--Toward the goal of harnessing the power of nature through DNA sequen
has announced the latest Community Sequencing Program (CSP) portfolio. These plant and micro
wean the nation's dependence on fossil fuel--total some 21 billion nucleotides of DNA sequence ca
the CSP for fiscal year 2008.

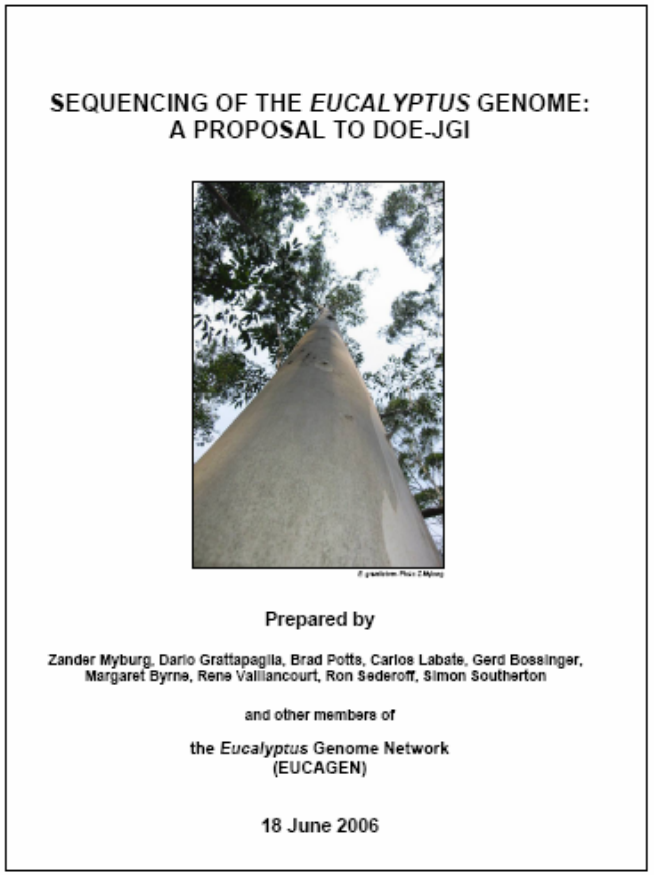
"This year's selections are completely aligned with the CSP mission, that is, selecting DOE-releva
communities of investigators," said Jim Bristow, DOE JGI Deputy Director and manager of the CS
120 submissions, demonstrations an increasing desire to fuel discovery with DNA sequence inform
through its web portals and the public databases."

Among the highest profile of these projects, and largest, with a 600-million-nucleotide genome, is
generation of resources for renewable energy--led by Alexander Myburg of the University of Pretor
National Laboratory (and DOE JGI), and Dario Grattapaglia, of EMBRAPA Genetic Resources an

EUCAGEN - Eucalyptus Genome Network

~130 cientistas em 18 países

Proposta submetida ao US Department of Energy em 2006-2007



SEQUENCING OF THE *EUCALYPTUS* GENOME:
A PROPOSAL TO DOE-JGI

Prepared by

Zander Myburg, Dario Grattapaglia, Brad Potts, Carlos Labate, Gerd Bossinger, Margaret Byrne, Rene Vaillancourt, Ron Sederoff, Simon Southerton

and other members of

the *Eucalyptus* Genome Network
(EUCAGEN)

18 June 2006

Pomar de sementes por mudas onde BRASUZ1 está localizado em Itapetininga, SP

BRASUZ1
BRazil SUZano S1
TARGET REFERENCE GENOME

Shinitiro Oda
Suzano breeder who developed and selected BRASUZ1

MAJOR OBJECTIVES AND PLAYERS

8X sequence of E. grandis genome
8 x 640 Mbp = 5120 Mbp of Shotgun Sanger Sequence (3 libriaries 2.5-3.0 kb 6.5-8.0 kb and 36 kb (JGI)

30X BAC coverage
Two 15X libraries – 75,000 BACs each
(Genolyptus - AGI)

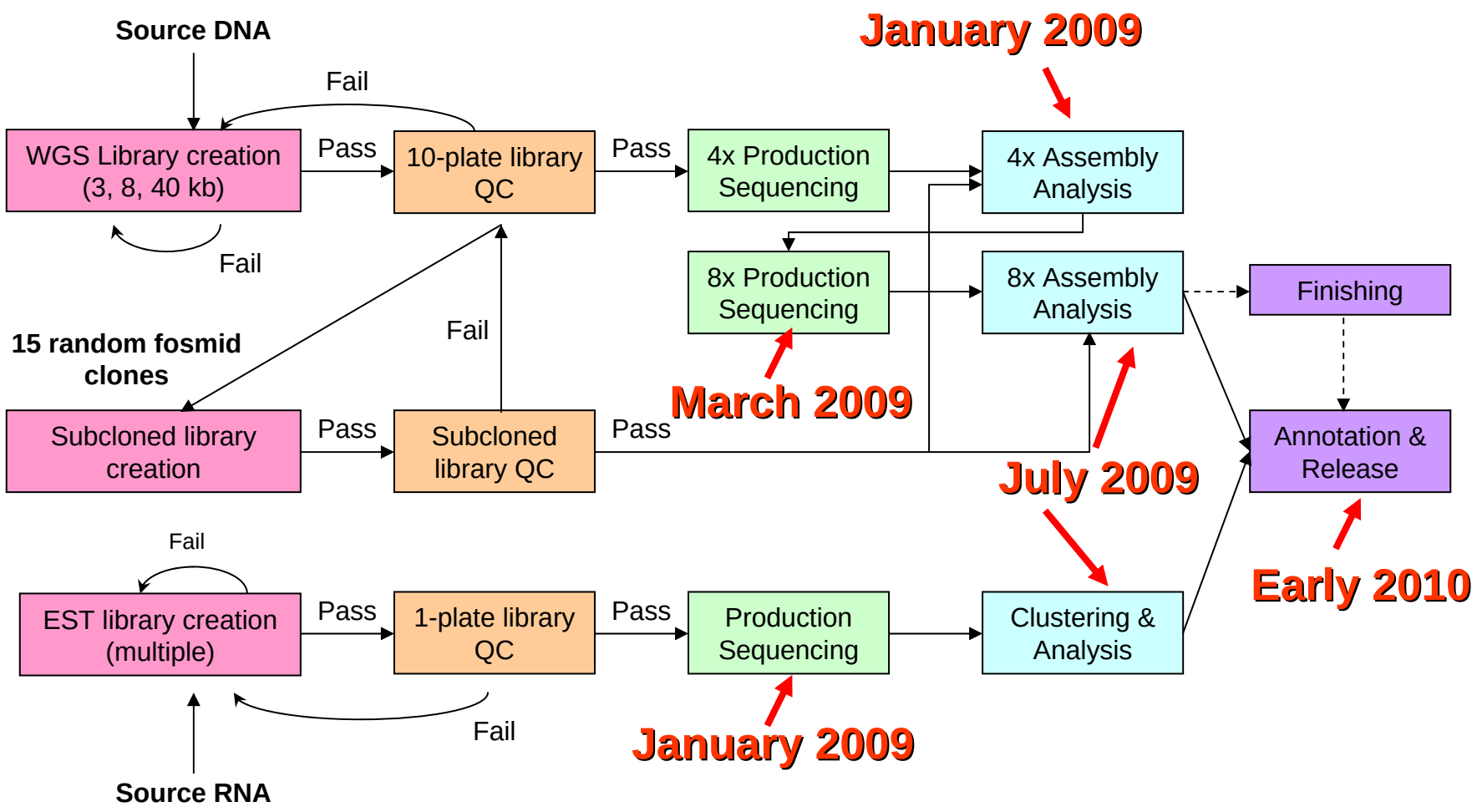
150,000 x 2 BAC end sequences (Stanford)

High-density (> 2000-marker) genetic linkage maps (for assembly) -SSR, DArT, SFP – (Brazil-Australia-S.Africa)

Comprehensive Eucalyptus EST database (for annotation only)
Genolyptus-UFlorida-France-Arborgen-JGI

Annotation (several countries and groups)

Eucalyptus Whole-Genome Shotgun Sequencing Project



Agradecimentos

- *Este é o trabalho de MUITA GENTE!!!!*
- Todos os participantes do GENOLYPTUS, professores, pesquisadores, técnicas das empresas, bolsistas e estudantes
- EMPRESAS PARTICIPANTES DO GENOLYPTUS
- MINISTÉRIO DE CIÊNCIA E TECNOLOGIA
  - FINEP - Fundo Verde Amarelo
  - PADCT (1995-1999)
  - CNPq
  - CAPES

OBRIGADO PELA ATENÇÃO

dario@cenargen.embrapa.br