

Reforço na pesquisa do genoma

Universidade de Pernambuco inaugura laboratório de genética

O Nordeste, a mais antiga região produtora de cana-de-açúcar do Brasil, integrou-se ao esforço nacional pelo seqüenciamento de genes específicos da planta, coordenado pela FAPESP. Marco dessa nova investida foi a inauguração do Laboratório de Genética da Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), no dia 20 de julho. Nas modernas instalações, cientistas pernambucanos trabalham em regime frenético para seqüenciar 2 mil fragmentos do genoma da cana até o fim de agosto, quando todo o trabalho dos 23 laboratórios que integram a Organização para Seqüenciamento e Análise de Nucleotídeos – ONSA, estará concluído. A meta é atingir, neste prazo, 200 mil seqüências de genes estudadas, o que torna o projeto brasileiro, iniciado em julho do ano passado, o maior do mundo na área de genética vegetal.

O ministro da Ciência e Tecnologia, Ronaldo Sardenberg, presente à solenidade de inauguração do laboratório, comemorou a recente repercussão internacional do projeto brasileiro envolvendo a bactéria *Xylella fastidiosa*, causadora de doenças nos laranjais. “Seguiremos o mesmo caminho com a cana-de-açúcar, planta de grande impacto econômico e social no Nordeste”, destacou o ministro.

O sucesso dos projetos de seqüenciamento da *Xylella* e de genes específicos da cana-de-açúcar, ambos financiados pela FAPESP, deverá alavancar recursos federais. Em Recife, Sardenberg anunciou a intenção do governo federal de investir R\$ 240 milhões, nos próximos quatro anos, na conservação de recursos genéticos por meio da biotecnologia no país.

“Já encontramos na cana-de-açúcar proteínas análogas às presentes no genoma humano, responsáveis por processos de infecção”, revela o pesquisador Paulo Arruda, diretor do Centro de Biologia Molecular da Unicamp e coordenador do Projeto Genoma Cana, da FAPESP.

Atualmente, 150 cientistas brasileiros participam de 12 projetos de



Pesquisadores da UFRPE trabalham no seqüenciamento de 2 mil fragmentos do genoma

Genoma funcional - Concluído o seqüenciamento, os cientistas iniciam as pesquisas com o genoma funcional da cana para identificar as funções dos vários fragmentos genéticos. Para tanto, a Fundação de Amparo à Ciência e Tecnologia do Estado de Pernambuco (Facepe) está investindo R\$ 1 milhão em laboratórios de biologia molecular. Paralelamente, vão garimpar, no *data mining*, dados para comparação dos genes da cana com seqüências genéticas semelhantes existentes em bancos de dados internacionais.

data mining. Uma das possibilidades é, no futuro, usar a genética para produzir açúcar que não engorda.

Desde agosto, 37 trabalhos estarão sendo desenvolvidos em diferentes áreas de pesquisa do genoma da cana. Pernambuco aprovou quatro deles. Na UFRPE, serão identificados genes relacionados à fertilidade da cana, permitindo no futuro fazer clones para evitar plantas estéreis. Além do laboratório recém-inaugurado, que custou R\$ 500 mil, outros três centros de pesquisa pernambucanos preparam-se para participar do

projeto. O Instituto de Pesquisas em Agronomia (IPA), órgão estadual, se dedicará ao estudo de genes ligados à resistência da planta a doenças. Na Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), um projeto estudará o papel dos genes na defesa da cana contra pragas e outro identificará proteínas produzidas pelo vegetal submetido a situação de estresse. O objetivo é chegar a variedades de cana-de-açúcar mais resistentes à seca. Na última estiagem, em 1998 e 1999, os canaviais pernambucanos perderam até 82% da produção.

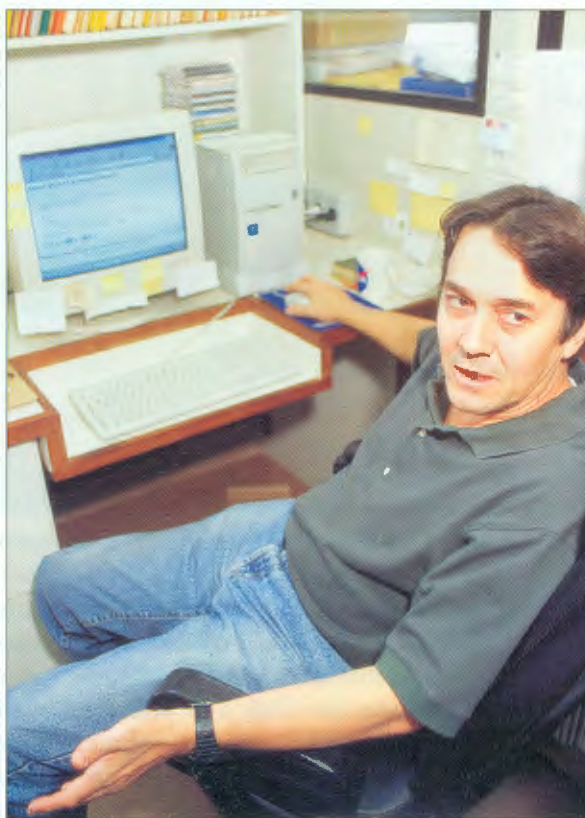
Seqüências homólogas - No Departamento de Genética da UFPE, dez computadores ligados em rede e conectados à Internet fazem o trabalho de garimpo de seqüências genéticas homólogas às da cana-de-açúcar em bancos de dados internacionais. No Centro de Informática, um computador de R\$ 150 mil foi instalado para o desenvolvimento de *software* e ferramentas computacionais de suporte aos futuros projetos de seqüenciamento genético. Com alto poder de memória, a máquina faz o cruzamento de dados para o desenho do complexo mosaico genético de seres vivos. Um dos benefícios será aplicar ao milho, ao arroz e ao sorgo os resultados obtidos com a cana-de-açúcar, pertencente à mesma família vegetal.

Os novos laboratórios são fruto da parceria inédita entre duas fundações estaduais de apoio à pesquisa – a FAPESP e a Facepe. O intercâmbio, formalizado no ano passado, previa, além da montagem de uma infraestrutura de laboratórios de seqüenciamento genético e de bioinformática, a capacitação de cientistas pernambucanos em biologia molecular e genética. Quarenta pesquisadores já participam dos projetos com a cana-de-açúcar.

Lançado oficialmente em abril do ano passado, em parceria com a

Cooperativa dos Produtores de Açúcar e Álcool do Estado de São Paulo (Copersucar), o Projeto Genoma Cana, prevê o seqüenciamento de genes, especialmente aqueles ligados com o metabolismo da sacarose, com a resistência da planta a pragas e doença e a condições adversas de clima e solo. O método utilizado é o ESTs (*Expressed Sequence Tags*), uma tecnologia de seqüenciamento rápida e baseada apenas nas proporções dos genes expressos, que codificam proteínas.

O genoma da cana pode ser tão vasto quanto o humano. Até agora, já foram identificados mais de 5 mil ge-



EDUARDO CESAR

Arruda: 37% dos genes identificados são novos

nes, um avanço sem precedentes nas pesquisas da cana. Deste total, 37% são absolutamente novos, sem semelhança em qualquer outro organismo. Os pesquisadores supõe que estes genes inéditos podem ser a chave para identificar a cana em relação a outros seres. Estas novas estruturas podem estar associadas à produção de proteínas importantes. Os outros genes já identificados têm similaridade ou são homólogos aos já seqüen-

ciados em outras espécies. Por serem conhecidos, será mais fácil saber quais são realmente importantes nas pesquisas aplicadas.

Leishmania chagasi – A partir do conhecimento gerado no seqüenciamento genético do vegetal, o grupo de Pernambuco pretende centralizar, ainda neste ano, uma rede de laboratórios dedicada às pesquisas com o genoma da *Leishmania chagasi*, parasita transmissor da leishmaniose visceral. A doença é endêmica no Brasil, principalmente no Nordeste. Em todo o mundo, registram-se, por ano, 2 milhões de novos casos de leishmaniose, incluindo os dois tipos: a visceral e a cutânea.

Já foram identificados dezenas de genes envolvidos na absorção e no transporte de nutrientes, que servirão de base para o desenvolvimento de variedades de plantas mais eficientes na absorção iônica. Os pesquisadores também já reconheceram 57 genes anteriormente identificados em outras plantas, que viabilizam a fixação do dióxido de carbono, a síntese de amido e sacarose e o metabolismo de frutose e manose, processos vitais para a planta, que a tornam mais ou menos interessante do ponto de vista econômico. As pesquisas revelaram ainda, dezenas de genes da cana semelhantes a outros, de outras espécies, que conferem resistência a bactérias, fungos e vermes nematóides.

“O pior é que a doença, tipicamente rural, está invadindo as grandes cidades em decorrência da deterioração das condições de vida nas periferias”, adverte a bióloga Luíza Martins, da UFRPE. O projeto de pesquisa vai seguir o modelo criado pela FAPESP para os estudos do genoma da cana-de-açúcar. De início, dez laboratórios nordestinos deverão participar da rede que, no momento, busca adesão das instituições de São Paulo. ●