

Segredos da doçura

Estudo pretende identificar os genes responsáveis pela sacarose da cana-de-açúcar

Nos próximos três anos, lâminas especiais de vidro do tamanho de um dedo, nas quais se inserem milhares de genes ou fragmentos de DNA, poderão revelar ao homem os caminhos da biologia molecular que levam à produção de variedades mais doces de cana-de-açúcar. Até 2007, com a ajuda das lâminas, denominadas *microarrays* ou *chips* de DNA, pesquisadores paulistas pretendem identificar genes que favoreçam a planta a acumular altos teores de sacarose, o popular açúcar de mesa, durante seu processo de maturação. “Se descobrirmos bons marcadores moleculares envolvidos nesse processo, poderemos mais rapidamente desenvolver variedades geneticamente modificadas mais ricas em açúcar”, diz Gláucia Mendes Souza, do Instituto de Química da Universidade de São Paulo (IQ/USP), coordenadora dos estudos. “Num estudo piloto, identificamos 20 marcadores do acúmulo de sacarose, mas a meta é encontrar muitos outros.” Os *microarrays* também serão utilizados para procurar genes envolvidos na resistência a pragas (insetos), na tolerância à escassez de água e na interação da cana com bactérias naturais que a auxiliam a fixar nitrogênio em suas raízes e funcionam como fertilizantes da lavoura.

Plantas assim, ricas em sacarose e mais fortes, formariam a lavoura ideal para os produtores de açúcar e álcool. Por isso, o projeto recebe financiamento do programa Parceria para Inovação Tecnológica (PITE) da FAPESP, do Centro de Tecnologia Canavieira (CTC),

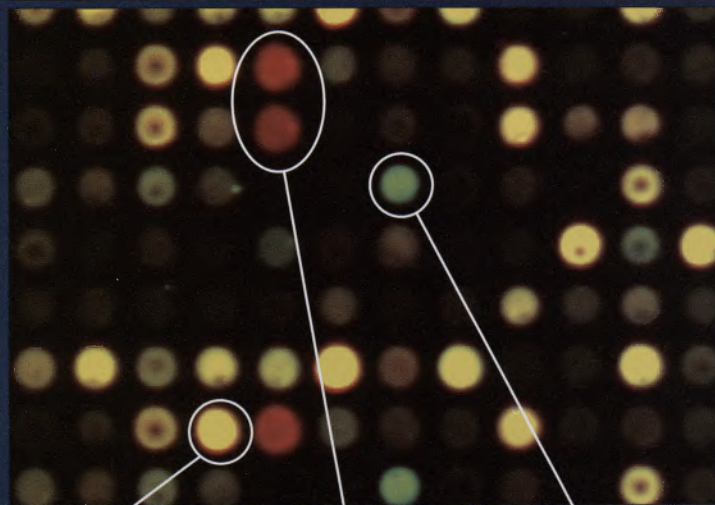
de Piracicaba, controlado pela Cooperativa de Produtores de Cana, Açúcar e Álcool do Estado de São Paulo (Copersucar), e da usina Centralcool, da cidade de Lucélia, no noroeste paulista. “Estamos investindo na melhoria da nossa matéria-prima, a cana-de-açúcar”, diz Carlos Yokio Nomura, gerente de logística da Centralcool. A expressão dos genes em 12 tipos de cana, todas desenvolvidas pelos técnicos do CTC por meio do tradicional cruzamento de plantas com diferentes características, será alvo da análise da equipe de Gláucia. “São variedades que foram criadas em nosso programa de melhoramento genético, mas não são plantas transgênicas”, afirma o engenheiro agrônomo Eugênio César Ulian, gestor de biotecnologia do CTC. Produzir canas transgênicas é uma meta para um segundo momento do trabalho, quando forem identificados os principais genes responsáveis pela produção de sacarose na planta.

Se o projeto gerar inovações tecnológicas de interesse comercial, as três fontes financiadoras dos estudos serão as detentoras de sua patente. Também as universidades dos pesquisadores envolvidos na iniciativa – além da USP, há cientistas da Universidade Estadual de Campinas (Unicamp) e da Universidade Estadual Paulista (Unesp) engajados nos estudos – terão direito a uma parcela dos *royalties* gerados por eventuais patentes. Menos preocupado em produzir conhecimento básico para a academia e mais voltado para encontrar soluções tecnológicas capazes de aumentar a competitividade de setores da economia paulista e nacional, o PITE

que junta as universidades paulistas e empresas do setor de açúcar e álcool é um filhote direto de uma grande empreitada científica sobre a cana, o projeto Sucest, sigla em inglês para Sugar Cane EST, também conhecido como Genoma Cana. Entre as contribuições do Sucest, que mobilizou 240 pesquisadores e foi concluído em 2003, destaca-se a montagem de um grande banco de dados sobre o material genético do vegetal. Nele há informações sobre o seqüenciamento de cerca de 240 mil fragmentos de genes, denominados ESTs, ou etiquetas de seqüência expressa. “O Sucest nos deu a base para montarmos o nosso projeto”, comenta Glaucia, que vai armazenar as informações sobre as funções dos genes descobertas pelos estudos com *microarray* num segundo banco de bancos, recém-construído.

A tecnologia de *chips* de DNA permite analisar quais genes ou pedaços de genes de um organismo são expressos (usados) em diferentes situações. Não é uma ferramenta para descobrir genes difíceis de serem identificados, mas sim para mapear o papel, a função de genes ou trechos de DNA previamente conhecidos, cuja seqüência fora determinada por outras técnicas da biologia molecular. A metodologia é muito empregada atualmente em trabalhos sobre as bases genéticas de doenças humanas. Em estudos sobre o câncer, por exemplo, os *microarrays* são usados para comparar o funcionamento de conjuntos de genes em tecidos saudáveis e doentes. Dessa forma, os cientistas identificam quais genes são mais, menos e igualmente expressos por células normais e com tumores. Os experimentos com *chips* de DNA geram figuras em que os genes inseridos nas lâminas são representados por pontos. Os pontos vermelhos representam genes que são mais expressos numa determinada situação do que em outra.

Genes do *chip* de DNA em forma de pontos



Genes igualmente expressos

Genes mais expressos

Genes menos expressos

Os verdes retratam os menos expressos, e os amarelos os que foram usados em ambas as situações. Se um gene se mostra superexpresso num dado contexto, como num tecido com câncer, ele deve ser importante para a ocorrência dessa condição.

Fração genômica - Em busca dos segredos moleculares que tornam a cana mais doce e resistente a pragas, os pesquisadores vão construir um *microarray* com 4.608 genes. Esse não é o número total de genes que compõem o genoma do vegetal, mas apenas uma fração deles – a fração mais importante para os estudos comparativos a serem feitos. “Nossos resultados preliminares com um *chip* piloto com 1.920 genes foram promissores”, avalia Glaucia. Nos

experimentos mais cruciais do projeto, que vão tentar descobrir as bases genéticas do acúmulo precoce de sacarose no colmo da planta, o funcionamento desse conjunto de genes será medido em quatro tipos de cana-de-açúcar. Duas variedades produzem precocemente muito açúcar, logo no início da safra, no mês de maio. As outras duas variedades demoram mais tempo para atingir teores elevados de sacarose. “Vamos observar a expressão dos genes durante todo o processo de amadurecimento da planta”, diz Ulian. As comparações serão feitas

em quatro momentos do ano: antes da colheita da cana (em março) e no início (maio), meio (julho) e fim (setembro) da safra. O comportamento dos genes será analisado em dois tipos de tecidos, nas folhas e no colmo (caule), onde se concentra a sacarose.

Os estudos que visam encontrar genes para a promoção de outras características economicamente desejáveis na cana-de-açúcar terão um desenho semelhante. As bases moleculares para a tolerância à falta de água serão o alvo de um trabalho que vai comparar a expressão de genes em quatro variedades de cana, duas adaptadas a climas secos e duas não acostumadas à aridez. Seguindo essa lógica, de confrontar o funcionamento dos mesmos genes em variedades da planta com traços contrastados, serão ainda analisadas variedades pouco e muito resistentes a doenças e suscetíveis à ação de bactérias fixadoras de nitrogênio. Se tudo der certo, os pesquisadores e as empresas de álcool e açúcar que participam do PITE terão identificado genes capazes de aumentar a capacidade produtiva de um canavial. Com esses dados, será possível, em tese, produzir plantas geneticamente modificadas mais eficientes e seguras para o ambiente – ou, se as empresas preferirem não criar plantas transgênicas, obter novas variedades pelo processo clássico de melhoramento genético.

O PROJETO

Transcriptoma da cana-de-açúcar

MODALIDADE

Programa Parceria para Inovação Tecnológica (PITE)

COORDENADORA

GLAUCIA MENDES SOUZA – Instituto de Química/USP

INVESTIMENTO

R\$ 555.693,00 – US\$ 82.867 (FAPESP) e

R\$ 800.000,00 (CTC e Centralcool)