

Genética doce

Mapa funcional de genes da cana-de-açúcar vai ajudar a formar variedades mais produtivas

Uma nova ferramenta genética para a formação de novas variedades de cana-de-açúcar, mais produtivas e menos suscetíveis à seca e a doenças, foi construída por uma equipe de pesquisadores da Universidade Estadual de Campinas (Unicamp). É o mapa funcional da cana que mostra marcadores moleculares relacionados às características agrônômicas da planta, como, por exemplo, os genes ligados à biossíntese da sacarose, o nome científico do açúcar. A importância desse achado é que, além de servir como adocante no dia-a-dia, a sacarose é fundamental no processo de produção do etanol, o álcool automotivo. As variedades de cana que produzem mais sacarose são as mais desejadas pelos produtores de álcool.

“Elaboramos um mapa com genes que funcionam como marcadores moleculares”, diz a engenheira agrônoma Anete Pereira de Souza, coordenadora do estudo e professora do Departamento de Genética e Evolução do Instituto de Biologia e pesquisadora do Centro de Biologia Molecular e Engenharia Genética (CBMEG), ambos da Unicamp. “Esses marcadores são pequenas variações nas seqüências das bases nitrogenadas que compõem um gene (guanina, citosina, timina e adenina) e podem estar associados a características de interesse comercial.”

A identificação desses genes partiu do resultado do Sucest, sigla para Sugar Cane EST (Etiquetas de seqüência expressa, correspondentes ao genoma expresso ou ativo de um organismo), mais conhecido como Genoma Cana, realizado entre 1999 e 2003 por cerca de 240 pesquisadores de universidades paulistas, pernambucanas e fluminenses. O trabalho resultou no conhecimento de cerca de 90% dos genes da

cana, representados por 43 mil seqüências expressas de genes. A técnica usada foi o desenvolvimento de marcadores do tipo microssatélites a partir das seqüências expressas de cana, para posterior construção do mapa funcional e localização dos genes no genoma da espécie.

Os genes de um indivíduo de uma mesma espécie são os mesmos, o que muda são as pequenas variações nesses genes, chamadas de alelos, que podem identificar diferenças como a cor dos olhos, de uma flor ou mesmo a paternidade nos chamados testes de DNA. Um gene pode ter vários alelos, que são variações desse gene. “A diferença entre alelos pode determinar, por exemplo, um metabolismo mais eficiente para a produção de açúcar ou na resistência a doenças e também à seca, por exemplo”, explica Anete, que recebeu, em janeiro, o parecer favorável para publicar o mapa funcional da cana na revista científica *Molecular Breeding*.

Com os dados dos marcadores moleculares nas mãos é possível analisar uma população de plantas produtivas e verificar quais indivíduos possuem os alelos associados à produção de açúcar, por exemplo. É possível encontrar alelos que codificam proteínas de maior interesse comercial. “O nosso trabalho é identificar os alelos favoráveis no genoma.” Entre os cerca de 400 genes analisados, a partir de 2 mil seqüências que possuíam microssatélites, muitos puderam ser transformados em marcadores moleculares possibilitando seu mapeamento no genoma da cana.

Prole ideal - O mapa funcional permite identificar a planta mais produtiva pela sua constituição molecular. A diferenciação genética identifica, por exemplo, plantas de cana que, embora muito produtivas em açúcar, possuem pouca resistência a doenças ou ao contrário. A identificação do gene permite o cruzamento de duas plantas que tenham os melhores alelos, garantindo uma prole com as melhores características agrícolas desejáveis.

A pesquisa molecular com a cana e uma futura sistematização dos testes genéticos serão um avanço tecnológico para os melhoristas, profissionais que fazem os cruzamentos entre plantas (a troca manual de pólen entre duas plantas de variedades diferentes), sempre buscando as melhores características externas, chamadas de fenotípicas, em determinada população de planta para formar novas variedades mais produtivas. “Eles poderão usar também os dados moleculares na escolha das melhores plantas para a realização dos cruzamentos”, diz Anete.

Os estudos do grupo da Unicamp contaram também com pesquisadores do departamento de genética da Escola Su-

O PROJETO

Desenvolvimento de marcadores moleculares a partir de ESTs de cana-de-açúcar para seleção de características economicamente importantes

MODALIDADE

Programa Parceria para Inovação Tecnológica (Pite)

COORDENADORA

ANETE PEREIRA DE SOUZA - Unicamp

INVESTIMENTO

R\$ 172.403,00 e
US\$ 45.495,22 (FAPESP)
R\$ 103.675,30 (CTC)

É possível identificar a cana mais produtiva pela sua constituição molecular

perior de Agricultura Luiz de Queiroz (Esalq) e do Centro de Energia Nuclear na Agricultura, ambos da Universidade de São Paulo (USP), e tiveram financiamento do programa Parceria para Inovação Tecnológica (Pite) da FAPESP e do Centro de Tecnologia Canavieira (CTC), uma associação mantida por mais de cem usinas independentes e 15 associações de produtores. “Os estudos foram realizados utilizando uma população composta por cem plantas, obtida a partir do cruzamento controlado entre plantas de duas variedades pré-comerciais do programa de melhoramento genético do CTC.”

O CTC já está usando os marcadores moleculares específicos encontrados no estudo para identificar se uma planta é uma variedade produzida por eles. Isso tem implicações na cobrança de *royalties* dos agricultores por parte do centro. Outro resultado do grupo foi o desenvolvimento de uma nova metodologia de construção de mapas genéticos estatísticos. O grupo do professor Antônio Augusto Franco Garcia, da Esalq, criou um *software* especialmente para o trabalho. “Em vez de dois mapas (um do pai e outro da mãe da planta), sobrepostos para verificação dos filhos, eles construíram um mapa só.” O próximo passo do grupo é trabalhar em conjunto com o CTC e o grupo da professora Gláucia Mendes Souza, do Instituto de Química da USP. Em projeto semelhante, ela identificou outros genes de interesse comercial que não possuem microssatélites. O método usado por ela é a análise por *microarrays* ou *chips* de DNA em que o gene é localizado entre milhares de outros e precisa ser testado em campo. ■

MARCOS DE OLIVEIRA

