

Agora, aos detalhes

Colaboração internacional dá início ao sequenciamento completo da cana-de-açúcar

MARIA GUIMARÃES



De um dia para o outro, pesquisadores do Instituto de Química da Universidade de São Paulo (USP) desvendaram cerca de 335 milhões de pares de bases do DNA da cana, 11 vezes o produto dos dois anos do Projeto Genoma Cana-de-Açúcar (Sucest), encerrado em 2001. O teste foi o pontapé inicial de um novo projeto, coordenado pela bióloga molecular Glaucia Souza. Ela pretende ir além do Sucest tanto na quantidade de dados como nas perguntas sobre como funciona o genoma da planta que se tornou sinônimo de energia e combustível renováveis.

“Descobrimos que não adianta conhecer o genoma sem saber como ele funciona”, diz Glaucia. O Sucest sequenciou o DNA funcional da cana-de-açúcar, ignorando genes sem função conhecida. Nos últimos anos, porém, genomas de outras gramíneas – sorgo e arroz – mostraram que para melhorar a produtividade das plantas é preciso saber como a atividade dos genes é controlada, uma função de trechos do DNA conhecidos como promotores.

Glaucia está atrás desses promotores. Mais precisamente, o plano é sequenciar o DNA de plantas da variedade SP 803280 da cana-de-açúcar (a mais representada no Sucest) cultivadas com disponibilidades de água diferentes e que produzem açúcar em maior ou menor quantidade. Os resultados devem ajudar a obter uma cana mais resistente à seca e mais produtiva.

No teste feito até agora, o biólogo Carlos Hotta, que desenvolve projeto de pós-doutorado no laboratório de Glaucia, analisou o DNA da cana-de-açúcar quebrado em fragmentos pequenos. O próximo passo é selecionar genes para serem sequenciados, por exemplo usando uma nova técnica para separar os genes ativos. Uma repetição do Sucest, mas com tecnologia melhor. Em seguida, novas ferramentas da biologia molecular permitirão à equipe encontrar e detalhar os promotores dos genes.

A eficiência decorre do aparelho adquirido este ano – o pirosequenciador de larga escala. “O método é completamente diferente dos sequenciadores tradicionais”, explica Hotta. O segredo é misturar o material genético em solução com óleo e chacoalhar de maneira a formar bolhas, cada uma com o tamanho exato para acomodar uma microesfera com um único fragmento de DNA aderido a ela, que ali será multiplicado milhões de vezes. Milhões dessas esferas numa lâmina de vidro são sequenciadas simultaneamente.

O projeto está no início, em quatro ou cinco anos Glaucia pretende ter o genoma completo. Não fará isso só com ajuda de Hotta. O trabalho tem colaboração de outros grupos brasileiros – da USP e da Universidade Estadual de Campinas – e estrangeiros, da África do Sul, da Austrália, da França e dos Estados Unidos. A França se concentra no cultivar da Ilha da Reunião, a Austrália na variedade do programa de Queensland além da mais estudada no Brasil, e os Estados Unidos buscam esmiuçar as espécies ancestrais da cana domesticada: *Saccharum officinarum*, rica em açúcar, e *S. spontaneum* e *S. robustum*, resistentes a doenças. “Os *workshops* que organizamos dentro do programa FAPESP de Pesquisa em Bioenergia (Bioen) para reunir os pesquisadores foram essenciais na sedimentação dessa relação de trabalho”, diz Glaucia. ■

> O PROJETO

Sugarcane signaling and regulatory networks

MODALIDADE
Projeto Temático - Bioen

COORDENADORA
GLAUCIA MENDES SOUZA - USP

INVESTIMENTO
R\$ 5.107.837,57