

El mapa de la caña de azúcar

El Proyecto Genoma allanó el camino hacia el desarrollo de nuevas variedades de la planta

Fabício Marques



La carrera en busca de nuevas variedades de caña de azúcar adaptadas a los diversos climas y suelos brasileños se beneficia debido a una gran articulación que reunió a 240 investigadores de 22 instituciones, entre 1999 y 2002. El Proyecto Genoma Caña, responsable del mapeo de 238 mil fragmentos de genes funcionales de la caña de azúcar, allanó el camino hacia el uso de marcadores moleculares para el mejoramiento del cultivo. La identificación de los fragmentos, denominados EST (Etiquetas de Secuencias Expresadas), fue seguida de un trabajo de prospección de datos relacionados con el metabolismo de la caña, de modo tal de obtener variedades más productivas y resistentes a la sequía o a suelos pobres. “Llegamos a 238 mil fragmentos de transcritos e iniciamos la identificación de la función de los genes, estudiamos las características agronómicas asociadas e hicimos el análisis del transcriptoma para ayudar en la generación de plantas transgénicas más eficientes”, resume Glaucia Souza, docente del Instituto de Química de la Universidad de São Paulo, una de las participantes del Genoma Caña.



Souza coordina en la actualidad el Programa FAPESP de Investigaciones en Bioenergía, el Bioen (lea el reportaje de la página 140), destinado a mejorar la productividad del etanol brasileño y avanzar en ciencia básica y tecnología relacionadas con la generación de energía de biomasa. Una de las vertientes del Bioen incorpora investigaciones desarrolladas a partir del Genoma Caña. La información obtenida en el marco del genoma funcional de la caña de azúcar

también aportó a otros estudios, tales como la identificación de la canacistatina, una proteína con propiedades antifúngicas, estudiada como posible inhibidor de patógenos que atacan a las plantas por un grupo encabezado por el genetista Flávio Henrique da Silva, del Centro de Biotecnología Molecular y Estructural (CBME) de la Universidad Federal de São Carlos (UFSCar).

Conocido oficialmente como Proyecto FAPESP Sucest (Sugar Cane EST), el Genoma Caña fue uno de los proyectos vinculados a la Red Onsa, la sigla de Organization for Nucleotide Sequencing and Analysis, una infraestructura de laboratorios desperdigados por varias ciudades, dotados de secuenciadores nuevos y otros equipamientos. Dicha red, una especie de instituto virtual de investigación, se creó en 1997 y tuvo

240
investigadores
de 22
instituciones
trabajaron
juntos en el
proyecto

Vivero con plántulas en el Centro de Tecnología Cañera: el interés de la industria sirvió de estímulo para el Genoma Caña

como primer desdoblamiento la secuenciación del genoma de la bacteria *Xylella fastidiosa* en el año 2000 (lea el reportaje que empieza en la página 44). Pero enseguida tomó parte en otros proyectos, en el marco del Programa Genoma de la FAPESP. Desde 1998, la red estaba abocada a temas de gran interés social y económico, tales como el mapeo de genes asociados al cáncer y al genoma expresado de la caña de azúcar.

El Genoma Caña se caracterizó por la fuerte interacción entre las universidades y el sector privado, en lo que constituye una marca del esfuerzo de investigación en bioenergía hasta los días actuales. Paulo Arruda, docente de la Universidad de Campinas (Unicamp) y coordinador del proyecto, recuerda que lo invitaron a liderar el proyecto luego de que la Cooperativa de Productores de Azúcar y Alcohol del Estado de São Paulo (Copersucar) y su brazo de investigación, el Centro de Tecnología Cañera (CTC), entraron en contacto con la dirección científica de la FAPESP y le propusieron una asociación entre las universidades y la industria con el fin de secuenciar el genoma de la caña. “El profesor José Fernando Perez, director científico en la época, me preguntó qué me parecía a mí. Le dije que el genoma de la caña es muy complejo y le sugerí el mapeo de los fragmentos funcionales del genoma”, dice Arruda, quien actualmente es uno de los coordinadores del área de Investigación para la Innovación de la FAPESP. La caña es en efecto un organismo complejo. Su genoma llega a ser tres veces mayor que el humano, con el agravante de que, en lugar de dos copias de cada cromosoma, existen entre ocho y doce copias, y no siempre son iguales. Esta peculiaridad hizo que la secuenciación completa del genoma se dejase de lado, pues el proceso sería desgastante y lento.

El proyecto recibió una financiación por valor de 4 millones de dólares por parte de la FAPESP y otros 400 mil dólares de la Copersucar. Y reunió por primera vez en una empresa común a laboratorios de São Paulo, Pernambuco, Bahía, Río de Janeiro, Paraná, Rio Grande do Norte, Minas Gerais y Alagoas. “Todos los laboratorios tuvieron acceso al banco de datos y pudieron estudiar los genes identificados”, dice Arruda. “Fue realmente innovador. Centrado en gente muy joven, que tenía más facilidad para operar con tecnología que los investigadores más experimentados, el Genoma Caña demostró que es posible seleccionar grandes retos y congregarse talentos para resolverlos”, afirma el profesor. “La repercusión del proyecto fue enorme. Reunimos los resultados de la investigación en una edición especial de la revista de la Sociedad Brasileña de Genética, que fue la más citada de la historia de la publicación”, afirma el profesor. En septiembre de 2003, un artículo publicado en la revista científica *Genome Research*

presentó el principal fruto del programa: La descripción minuciosa de la constitución genética de la caña de azúcar, la planta cultivada desde hace más tiempo en gran escala en Brasil. Ese artículo mostró que el genoma de la caña de azúcar está constituido por 33.620 posibles genes, de los cuales alrededor de 2 mil parecen estar asociados con la producción de azúcar.

Felipe Rodrigues da Silva, biólogo, y Guilherme Pimentel Telles, graduado en computación, saben que fue difícil llegar a esas cifras finales, que culminaron la aventura que empezó en abril de 1999. Para determinar inicialmente la cantidad de genes, la información básica sobre cualquier genoma, Da Silva, en ese entonces un doctorando de 29 años, y Telles, de 27, tuvieron de resolver lo que aún no había sido solucionado en ningún otro laboratorio del mundo: descubrir cómo eliminar las repeticiones y aprovechar de la mejor manera posible la información contenida en alrededor de 300 mil fragmentos de genes. El Genoma Caña fue uno de los primeros proyectos de plantas en que se adoptó esa técnica de detección de genes a nivel mundial. Hasta que ajustaron el paso, trabajaron al menos 12 horas por día, durante cuatro meses, con programas según los cuales la caña de azúcar tendría, ora nueve mil genes, ora más de cien mil, ora un valor intermedio cualquiera, que variaba de acuerdo con los distintos criterios sobre qué es un gen. En uno de los momentos cruciales, descubrieron que estaban dejándose de lado tramos de genes que podrían aprovecharse.

Fundamentalmente, el Genoma Caña dio inicio al esfuerzo, aún en curso, de profundizar el conocimiento sobre el metabolismo de la caña de azúcar, de manera tal de obtener más rápidamente variedades más productivas y resistentes a la sequía o a los suelos pobres. Con las técnicas actuales de mejoramiento genético, una nueva variedad insueme diez años de trabajo, desde las primeras pruebas hasta la aprobación para su uso en el campo. “Todavía estamos en la infancia en lo que hace a la comprensión del genoma de la caña”, dice Arruda. “La planta tiene un potencial de productividad tres veces mayor, pero todavía no sabemos hasta qué punto el genoma representa un obstáculo para el aprovechamiento de ese potencial. De todos modos, el proyecto ha mostrado que es posible afrontar ese reto”, afirma.

La culminación del proyecto no condujo a un enfriamiento del interés por parte de los investigadores y la industria en seguir apuntando al conocimiento de la planta. Después de 2003, Glaucia Souza se hizo cargo de la coordinación del Sucest y dio inicio al Proyecto Sucest-FUN,

en un trabajo llevado adelante por una red de investigadores abocados al análisis de los genes de la caña. La identificación de genes asociados al tenor de azúcar se realizó en el marco de un proyecto a cargo del Centro de Tecnología Cañera, Usina Central de Álcool Lucélia e investigadores de la Universidad de São Paulo (USP) y la Unicamp, financiados por la FAPESP, y encabezado por Souza. Otro proyecto importante consistió en la identificación de marcadores moleculares a partir de las secuencias del Sucest, bajo el lide-

El artículo de *Genome Research* mostró que el genoma de la caña tiene cerca de 2 mil genes asociados con la producción de azúcar

razgo de la investigadora Anete Pereira de Souza, del Instituto de Biología de la Unicamp. Los marcadores pueden emplearse para identificar un gen específico, que esté ligado a la producción de sacarosa, por ejemplo. “Los proyectos de Souza y Pereira constituyeron dos hitos, pues demostraron que existía una comunidad de investigadores preparada para abocarse al tema. Sus avances hicieron posible el mapeo efectivo del genoma de la caña de azúcar, cosa que no era factible en la época del Sucest”, dice la genetista Marie-Anne Van Sluys, docente del Instituto de Biociencias de la USP. ■

Los proyectos

1. Proposal for ADN coordinator of the Sugarcane EST Project (SucEST) –nº 1998/ 12250-0 (1998-2004); **Modalidad** Ayuda al Proyecto de Investigación – Programa Genoma; **Coordinadores** Paulo Arruda – CBMEG-Unicamp; **Inversión** R\$ 2.324.381,81.
2. Bioinformática para el proyecto EST caña de azúcar – nº 1999/ 02837-6 (1999-2002); **Modalidad** Ayuda al Proyecto de Investigación – Programa Genoma; **Coordinadores** João Meidanis –IC-Unicamp; **Inversión** R\$ 576.439,24.
3. SucEST – data mining – nº 1999/ 02840-7 (1999-2002); **Modalidad** Ayuda al Proyecto de Investigación – Programa Genoma; **Coordinadores** Antonio Vargas de Oliveira Figueira –Cena-USP; **Inversión** R\$ 52.496,22.

Artículos científicos

VETTORE, A. L. et al. Analysis and Functional Annotation of an Expressed Sequence Tag Collection for Tropical Crop Sugarcane. **Genome Research**. v. 13, p. 2725-35. 2003.

De nuestro archivo

Los arquitectos de la nueva caña, Edición nº 59 – noviembre de 2000; *Una cosecha abundante*, Edición nº 91 – septiembre de 2003.