



USP ESALQ – ASSESSORIA DE COMUNICAÇÃO

Veículo: Grupo Cultivar

Data: 08/12/2009

Link: <http://www.grupocultivar.com.br/noticias/noticia.asp?id=36593>

Caderno / Página: - / -

Assunto: Workshop sobre cana-de-açúcar reúne cientistas de diversos países

Metabolômica da cana

Workshop do Programa BIOEN-FAPESP reúne cientistas de diversos países para debater como o conhecimento do metabolismo da cana-de-açúcar pode ajudar nas pesquisas e na produtividade da planta.

Debater como o estudo genético sistemático do metabolismo de organismos e processos celulares, ou metabolômica, pode auxiliar nas pesquisas e na produtividade da cana-de-açúcar foi o principal objetivo do Workshop BIOEN sobre Metabolômica da Cana-de-Açúcar, ocorrido na segunda-feira (7/12) na sede da Fundação, em São Paulo.

O evento, realizado no âmbito do Programa FAPESP de Pesquisa em Bioenergia (BIOEN), reuniu pesquisadores do Brasil e de diversos países que falaram sobre temas como acumulação de sacarose e de carbono na cana-de-açúcar e eficiência na produção de etanol celulósico.

"A metabolômica é uma área recente da genômica e atua na determinação de funções de genes a partir da análise de um grande volume de dados sobre o metabolismo de diferentes organismos. O uso da metabolômica no estudo da cana é complementar à proteômica, que estuda as proteínas codificadas para produção de sacarose e de outros compostos, e da transcriptômica, que dá informações sobre a expressão de genes da planta", explicou o coordenador do workshop, o professor Carlos Labate, do Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz da Universidade de São Paulo (Esalq-USP).

Em sua palestra, que abriu o evento, Labate falou sobre como a metabolômica pode ser uma das ferramentas importantes para ajudar a aumentar a produtividade no cultivo da cana-de-açúcar. "Aplicada ao estudo da cana-de-açúcar, a metabolômica pode ser uma ferramenta de apoio para a seleção de variedades mais adequadas à produção de bioenergia, com alto teor de sacarose e resistentes à seca e pragas da agricultura", disse.

Mas o trabalho em metabolômica da cana-de-açúcar é enorme e está apenas no começo, como destacou Vanderlan da Silva Bolzani, do Núcleo de Bioensaios, Biossíntese e Ecofisiologia da Universidade Estadual Paulista. "Há poucas informações científicas a respeito e nem sequer uma metodologia de pesquisa foi estabelecida. Nosso primeiro objetivo é criar uma metodologia robusta e reproduzível de análise", disse.

As aplicações práticas da pesquisa na área serão extremamente úteis para o cultivo da cana-de-açúcar, segundo Vanderlan. Entre elas estão a identificação de substâncias que possam gerar resistência às doenças e pragas mais comuns dos canaviais, como a broca-da-cana-de-açúcar (*Diatraea saccharalis*), causada por uma mariposa, e os fungos conhecidos como "carvão" (*Ustilago scitaminea*) e "ferrugem" (*Puccinia melanocephala*).

"Estamos muito entusiasmados com a pesquisa, em um único cultivar identificamos vários metabólitos e vamos testá-los em breve", disse. A pesquisadora também destacou a importância do trabalho conjunto entre a química e a biologia para o avanço da metabolômica.

A metabolômica utiliza técnicas de espectrometria de massas e ressonância magnética para determinar a presença e a estrutura de produtos do metabolismo da planta – açúcares, ácidos orgânicos e outros compostos – em tecidos de diferentes variedades de cana e estabelecer as rotas metabólicas para produção dessas substâncias.

O conhecimento sobre a regulação de um conjunto dessas rotas metabólicas permite a identificação dos genes que codificam proteínas associadas a esses compostos.

Marcelo Ehlers Loureiro, do Centro de Ciências Biológicas e da Saúde do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Viçosa, mostrou como a metabolômica pode ajudar na produção da nova geração do etanol. Loureiro se dedica ao estudo da lignina, um componente da parede celular e um dos maiores limitadores do processo de conversão do bagaço da cana em álcool.

“Mais de 70% da energia da cana está no caule e nas folhas e é desperdiçada. Entender como as várias formas como a lignina se apresentam, além de viabilizar uma futura produção de álcool a partir de bagaço, pode ajudar a aprimorar as espécies atuais da planta”, disse.

A equipe de Loureiro descobriu que pequenas variações na lignina e na composição de determinadas estruturas celulares podem aumentar ou reduzir a resistência do vegetal a estresses bióticos, como a incidência de fungos, por exemplo.

Aplicação em saúde

Staffan Persson, do Instituto Max Planck de Fisiologia Molecular de Plantas, apresentou no workshop do BIOEN estudos de redes genéticas que, aplicadas em cinco espécies diferentes de plantas, identificaram os genes que se repetiam em todas elas.

“Um importante desafio para a área está no desenvolvimento de algoritmos voltados à comparação gênica”, destacou.

“A metabolômica está se tornando rapidamente uma tecnologia madura que já cobre milhares de pequenas moléculas pequenas. Combinada com a diversidade genética, ela permite uma descrição importante da função genética”, disse Lothar Willmitzer, também do Instituto Max Planck.

Além das aplicações no estudo de plantas, o cientista alemão apontou exemplos das possibilidades da metabolômica em saúde, como na obtenção de diferenciações mais precisas entre amostras de sangue de portadores e de não portadores de diabetes.

“Os metabólitos diferenciam melhor essas amostras comparados aos exames convencionais de taxa de glicose”, disse. Entre outras aplicações em saúde está a predição de infarto do miocárdio por meio da assinatura metabólica registrada no sangue.

“Não chega a ser um marcador diagnóstico, mas algo que poderá se aprimorar e ajudar a medicina”, indica Willmitzer. A metabolômica também tem sido empregada no Instituto Max Planck para estimar quais pacientes responderiam a um medicamento antidepressivo e quais estariam imunes aos seus efeitos.

Como desafios para a área de pesquisa, Willmitzer destacou o grande aumento das frações das moléculas analisadas e a dificuldade de se identificar os contaminantes das amostras. “A necessidade de desenvolver e adaptar softwares para análise genômica, uma vez que não há versões no mercado com a especialização necessária, é outro ponto importante”, disse.

Fábio Reynol

Agência FAPESP

<http://www.agencia.fapesp.br/>