



USP ESALQ – ASSESSORIA DE COMUNICAÇÃO

Veículo: EXAME

Data: 09/03/2012

Link: <http://exame.abril.com.br/tecnologia/noticias/>

Caderno / Página: - / -

Assunto: USP cria software para estudar cana-de-açúcar

USP cria software para estudar cana-de-açúcar

Novo método de análise estatística e software facilitam entendimento do complexo genoma da planta



Pesquisa abre caminho para estudos genéticos da cana-de-açúcar

São Paulo - Um novo método de análise estatística e um **software** desenvolvidos na Universidade de São Paulo (USP) deverão facilitar o estudo do genoma da cana-de-açúcar e abrir caminho para pesquisas que auxiliem o melhoramento genético da planta. Os resultados da pesquisa foram publicados em artigo na revista PLoS One.

Embora o Brasil seja líder mundial na produção de cana-de-açúcar e de bioetanol, ainda há muito que avançar. Hoje, são produzidas em média 84 toneladas de cana por hectare de terra plantada no país. Cientistas estimam que com o melhoramento genético seja possível chegar a 380 toneladas.

Mas o desafio não é pequeno, como explica Antonio Augusto Franco Garcia, pesquisador do Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (Esalq/USP) e um dos

autores do estudo que integra o Projeto Temático "Genomic-assisted breeding of sugarcane", realizado no âmbito do Programa Fapesp de Pesquisa em Bioenergia (BIOEN) e coordenado por Anete Pereira de Souza, professora do Departamento de Biologia Vegetal da Universidade Estadual de Campinas.

“É muito difícil desenvolver estudos sobre a genética da cana-de-açúcar, dada a complexidade de seu genoma”, disse Garcia.

Enquanto os seres humanos e quase a totalidade dos animais são diploides, ou seja, possuem apenas duas cópias de cada cromossomo, a cana-de-açúcar pode ter até 20. Isso significa que cada indivíduo na espécie humana pode possuir até duas formas variantes de cada gene, um herdado do pai e outro da mãe. Já na cana essa complexidade é bem maior, uma vez que um dado gene pode teoricamente possuir muitas formas variantes no mesmo indivíduo.