



Cientistas anunciam o sequenciamento genético da seringueira: Resultados abrem caminho para melhorar a produtividade do látex no país, que é o último na lista de produtores



Cientistas anunciam o sequenciamento genético da seringueira: Resultados abrem caminho para melhorar a produtividade do látex no país, que é o último na lista de produtores

Brasil acompanha tendência dos principais países produtores de látex

Pesquisadores brasileiros realizaram o sequenciamento genético da *Hevea brasiliensis*, a popular Seringueira, de olho no aumento na produtividade de látex e, conseqüentemente, na diminuição da dependência do produto externo. O estudo desse sequenciamento genético deu origem a tese *Montagem de novo e análise do transcrito de Hevea brasiliensis por RNA-seq e busca por marcadores moleculares*, do biólogo Leonardo Rippel Salgado, defendida em maio, pelo Programa de Pós-Graduação em Genética da Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto (FMRP) da USP, com orientação do professor Luiz Lehmann Coutinho, da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (Esalq) da USP, em Piracicaba.

Com esse trabalho o Brasil acompanha uma tendência que já é realidade nos principais países produtores de látex, que têm direcionado esforços científicos, com o sequenciamento do transcrito — fração expressa do código genético, e do genoma — código genético completo, da seringueira a fim de se obter mais informações para programas de melhoramento genético da planta.

E o investimento na melhoria da produtividade de látex no País é mais que justificado. Ainda que o Brasil seja o berço da Seringueira, em 2012 tinha uma área plantada de cerca de 168 hectares, segundo a Associação Brasileira de Florestas Plantadas, e contribuiu em 2011, de acordo com o IBGE, com apenas 2,5% da produção mundial que foi de pouco mais de 11 milhões de toneladas de borracha natural. O Brasil possui um consumo estimado em 3% da produção mundial e apesar do aumento das áreas plantadas, a relação oferta demanda de látex possui atualmente um déficit de 296 mil toneladas, diz a International Regulatory Strategy Group (IRSG). “No topo da lista dos países mais produtivos estão Tailândia, Indonésia, Malásia e Índia”, lembra o pesquisador.

Fungo nas plantações

Entre os problemas encontrados para o desenvolvimento da cultura da seringueira no Brasil, a chamada heveicultura, é a presença do fungo *Microcyclus ulei* nas plantações. Questões climáticas também estão na lista de fatores que desestimulam a plantação de seringais. O ideal são regiões de clima tropical com altas taxas de umidade, justamente onde o fungo *Microcyclus ulei* encontra ambiente favorável para se desenvolver.

O sequenciamento descrito por Rippel Salgado pode ser a solução para esses problemas, pois para verificar a quantidade de novas contribuições aos recursos moleculares já disponíveis da Seringueira, foi feita comparação utilizando as 39.034 sequências expressas (Expressed Sequence Tags, ESTs5), depositadas no banco de dado público do Centro Nacional de Informações Biotecnológicas do Instituto Nacional de Saúde dos Estados Unidos da América (NCBI) relacionadas à *Hevea brasiliensis* em outubro de 2013. “Das 19.708 sequências descritas no nosso trabalho, 8.792, não encontraram similares”, comemora o pesquisador.

Ainda, segundo o pesquisador, isso se deve ao fato desse trabalho ser pioneiro em usar vários órgãos e tecidos de seringueira e em diferentes estágios de desenvolvimento. “Por isso obtivemos tantas novidades em relação aos trabalhos anteriores. A produção científica brasileira relacionada ao melhoramento genético da seringueira, afirma Rippel Salgado, é pequena e este trabalho gera uma quantidade expressiva de dados a serem usados nas diferentes áreas da biotecnologia. “O estudo que não só identificou em larga escala marcadores de genes como os caracterizou”, afirma o pesquisador.

Ele diz, ainda, que as abordagens feitas por instituições estrangeiras de pesquisa focavam em analisar o látex e tecidos diretamente relacionados com a produção do látex, deixando de lado possíveis peculiaridades pertencentes a toda a fisiologia da planta. Outro diferencial do trabalho brasileiro é a disponibilização ampla e irrestrito dos resultados, o que não ocorre com os trabalhos anteriores, por gerar interesse comercial.

O pesquisador lembra que essa é uma das culturais mais rentáveis economicamente, além de possuir apelo ecológico muito grande. “A heveicultura equivale a formações de florestas, quase não precisa de mecanização, fixa a família de trabalhadores no campo, além de ser uma árvore genuinamente brasileira. Muitos acontecimentos importantes no Brasil se devem ao cultivo dessa espécie, como todo um ciclo econômico sustentado pela produção da borracha, a vinda de Henry Ford para estabelecer a produção da borracha que alimentaria a revolução industrial americana e também está envolvida em uma das primeiras históricas de biopirataria do mundo”.

Para o sequenciamento foi utilizada a plataforma Roche/454 de sequenciamento de próxima geração do Laboratório Nacional de Computação Científica (LNCC). Já, para as análises foram utilizados os computadores multiusuários adquiridos com recursos da Fundação de Apoio à Pesquisa do Estado de São Paulo (Fapesp) do Laboratório de Genética Molecular e Bioinformática do Hemocentro de Ribeirão Preto, com apoio do Núcleo de Apoio à Pesquisa da USP (CISBI-NAP/USP), que possui infraestrutura completa para sequenciar e analisar dados genéticos e, com isso, produzir vastos conjuntos de dados sobre a estrutura e função de genomas.

Esse estudo é parte do Projeto Sequenciamento do Transcritoma da *Hevea brasiliensis*, inscrito no Programa Sul-Americano de Apoio às Atividades de Cooperação em Ciência e Tecnologia, financiado pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), sob coordenação do professor Wilson Araújo da Silva Junior, do Departamento de Genética da FMRP. Além da FMRP, Esalq, e Centro de Energia Nuclear na Agricultura (CENA) da USP, Piracicaba, também estão envolvidos no sequenciamento a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), o Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia (INPA), Laboratório de Genômica e Biologia Molecular da Universidade Estadual de Santa Cruz, Itabuna, Bahia, o Laboratório Nacional de Computação Científica (LNCC) do Rio de Janeiro, e o Centre de Coopération Internationale em Recherche Agronomique pour le Développement (CIRAD), França.

Foto:Foto: Wikimedia Commons

Mais informações: e-mail: leonardo.rippel@gmail.com

Rosemeire Soares Talamone, de Ribeirão Preto
Agência USP