



# O SUMO DA CANA

Simpósio internacional discute rumos da pesquisa canavieira no Brasil

O produto máximo da cana-de-açúcar ainda está por vir. São os desdobramentos do projeto conhecido como Genoma Cana, financiado em parte pela FAPESP, que catalogou os genes ativos da cana-de-açúcar. Para dar os próximos passos com segurança, a geneticista Marie-Anne Van Sluys, da Universidade de São Paulo (USP), organizou uma reunião entre pesquisadores brasileiros e internacionais no Workshop de Genômica da Cana, realizado na FAPESP nos dias 4 e 5 de agosto. Parte dos convidados são pesquisadores dos Estados Unidos e da França com experiência em projetos genômicos de outras gramíneas, família que inclui a cana, o sorgo, o milho e o arroz. “Os erros e os acertos desses projetos nos ajudarão a avançar mais depressa”, explica Marie-Anne.

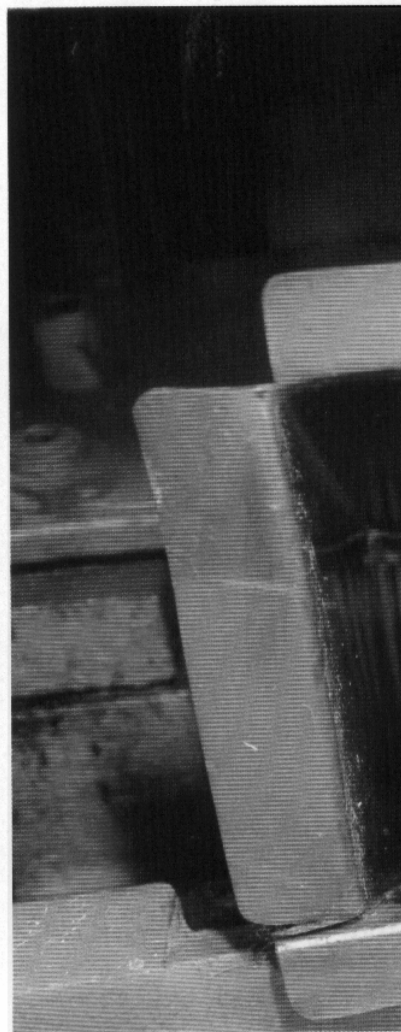
A história da cana-de-açúcar é longa e deu origem a um genoma complexo. Já na Antiguidade os asiáticos mastigavam as hastes doces da espécie *Saccharum officinarum*. Mas quando a população aumentou e chegou a era da agricultura em ampla escala foi preciso tornar mais eficiente a produção do caldo doce. A solução foi cruzar a espécie original com uma mais resistente a doenças, pragas e condições climáticas adversas: *Saccharum spontaneum*. Em seguida, ao longo dos séculos os agricultores selecionaram plantas mais resistentes e que produziam mais açúcar, dando origem à planta que desde o século XVI é importante para a economia brasileira. O genoma reflete essa história de cruzamentos e seleção de características: há cerca de dez cópias de cada gene, em vez do par que caracteriza a maior parte dos animais.

Entre as várias cópias dos genes estão os elementos de transposição, trechos de DNA que se duplicam e mudam de lugar no genoma. O grupo de Marie-Anne vem seguindo esses fragmentos errantes de DNA, até recentemente considerados nocivos ao organismo. A equipe da USP seqüenciou todos os elementos de transposição encontrados e verificou que alguns deles existem também no arroz, que há 50 milhões de anos segue uma trajetória evolutiva independente da cana. “Isso significa que são antigos na evolução das gramíneas, portanto não devem ser

nocivos”, conclui a geneticista. Outro indício de que os elementos de transposição têm participação benéfica na biologia da planta é que são, em muitos casos, tão ativos quanto os demais genes. O grupo continua em busca de descrever essas funções.

**Ciência aplicada** - Conhecer em detalhe o genoma da cana não é mera curiosidade. A cada ano, o Centro de Tecnologia Canavieira (CTC) testa 1 milhão de mudas em busca de plantas mais produtivas do que as existentes. É um processo lento: demora 12 anos para que, desse imenso canavial, surjam duas ou três variedades promissoras.

A pesquisa genômica agiliza essa busca ao fornecer listas de genes ativos da cana-de-açúcar – os mapas funcionais, que podem ajudar a reduzir a me-



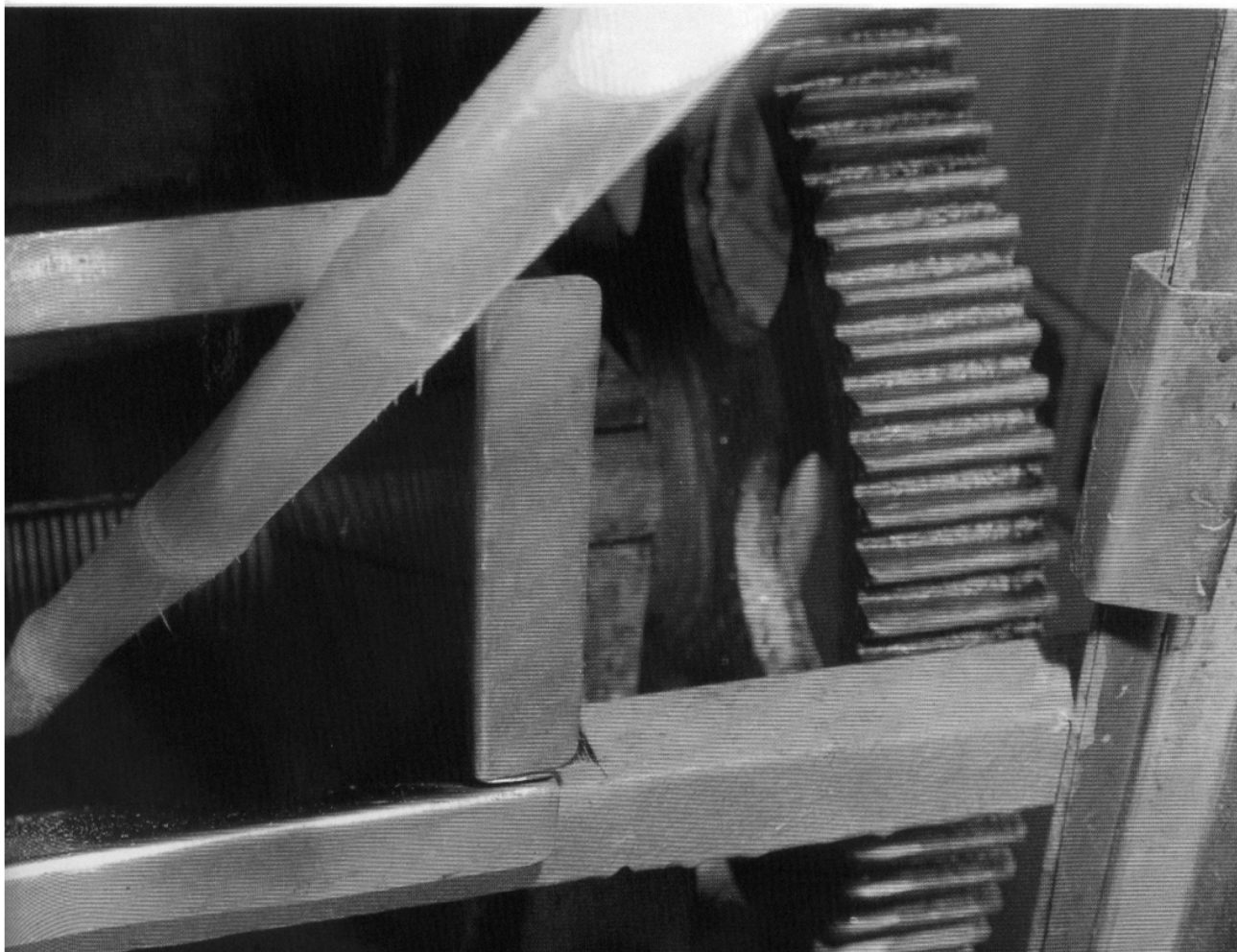
tade o número de clones analisados pelo CTC. Um grande avanço nessa área vem da parceria entre os geneticistas Anete Pereira de Souza, da Universidade Estadual de Campinas (Unicamp), e Antonio Augusto Franco Garcia, da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (Esalq) da USP, que no ano passado publicaram na revista *Molecular Breeding* o primeiro mapa funcional da cana-de-açúcar. Eles descreveram mais 400 marcadores genéticos funcionais, em artigo em processo de publicação. São partes do DNA responsáveis por produção de sacarose, resistência a doenças e outras características essenciais para o valor econômico das plantas. “Estamos fornecendo essas informações para toda a comunidade mundial que trabalha com cana-de-açúcar”, conta Anete. “Cada grupo terá

que fazer seu próprio mapa para a variedade que estuda.” Para facilitar o trabalho, ela e Garcia publicaram no ano passado um programa de computador para construção de mapas genéticos que também já foi usado para outras plantas como o maracujá e a laranja.

Para Anete, reunir-se com pesquisadores internacionais com experiência em outros sistemas é uma oportunidade de delinear estratégias para continuar o seqüenciamento do genoma da cana, além de abrir caminhos para estabelecer colaborações com aqueles que usam tecnologias ainda não completamente conhecidas ou disponíveis no Brasil. Com experiência no genoma do sorgo, o geneticista Andrew Paterson, da Universidade Cornell, nos Estados Unidos, afirma que seu trabalho pode ser útil para pesquisas em cana.

“A grande vantagem do sorgo é que não passou pelas duplicações do genoma e por hibridização, como a cana, por isso tem um genoma muito mais simples”, explica. Isso faz com que o genoma do sorgo ainda tenha uma organização mais próxima à de seu ancestral, enquanto a cana sofreu embaralhamentos causados pelas duplicações e pelos elementos de transposição.

Projetos não faltam entre os pesquisadores brasileiros envolvidos nas pesquisas canavieiras, que contam com financiamento dentro do Programa FAPESP de Pesquisa em Bioenergia (Bioen), lançado em julho. Mas, para levar a cabo uma tarefa de tal monta, a melhor estratégia é mesmo reunir esforços e mentes.



EDUARDO CÉSAR