

## **Análise do transcriptoma da cana-de-açúcar e sua contribuição para o acúmulo de sacarose**

**Dra. Juliana de Maria Felix**

Centro de Tecnologia Canaveira – CTC – Piracicaba, SP

A cana-de-açúcar (*Saccharum* sp.) é uma das principais culturas agrícolas do Brasil, sendo a principal fonte de matéria prima para a produção de açúcar e etanol. O Brasil encontra-se na posição de maior produtor mundial de açúcar, com 24 milhões de toneladas por ano, das quais cerca de 60% são exportadas. As perspectivas para aumento nas exportações do açúcar brasileiro são da ordem de US\$ 2 bilhões por ano. A produção brasileira de etanol também é a maior do mundo, com 14 bilhões de litros de etanol/ano. Tal fato permitiu ao Brasil ser o único país do mundo a implantar o etanol em larga escala como combustível renovável e alternativo ao petróleo. Hoje o etanol é reconhecido mundialmente pelas suas vantagens ambientais, sociais e econômicas e vários países têm demonstrado interesse crescente na tecnologia desenvolvida. Estima-se que com os carros bicombustíveis a demanda interna de etanol será de 22,1 bilhões de litros até o ano de 2010. No mercado externo, a demanda projetada para o mesmo período é de 5,2 bilhões de litros. Atualmente, a crescente preocupação com a disponibilidade de energia no país e no mundo tem feito o setor alcooleiro alcançar destaque mundial. Um aumento na produção de açúcar e etanol deverá ser estimulado através de investimentos em novas usinas, crescimento da área cultivada com cana-de-açúcar, melhora no manejo e aumento da produtividade através da obtenção de novas cultivares. Para atender a esta demanda, o setor sucroalcooleiro deverá expandir a área plantada com cana dos atuais 6 milhões de hectares para 9,1 milhões nos próximos 8 anos. Para gerar um aumento de produção de etanol compatível com a demanda uma possibilidade seria o aumento de produtividade a partir do aumento da síntese/acúmulo de açúcar. Além das limitações impostas pela complexidade do genoma e o pouco conhecimento do mecanismo molecular de acúmulo de sacarose no entrenó da cana-de-açúcar, obter cultivares com maior teor de sacarose utilizando o melhoramento genético clássico pode ter a desvantagem de ser um processo extremamente lento e, portanto, incompatível com as necessidades atuais do mercado altamente competitivo. Neste cenário, o melhoramento pela alteração direta de genes de interesse, através das técnicas de biologia molecular, pode levar à obtenção de variedades melhoradas muito mais rapidamente e com especificidade para o objetivo desejado. Levando-se em consideração que o colmo de cana-de-açúcar é capaz de estocar mais do que 25% do seu peso fresco em sacarose, quase o dobro do que as cultivares comerciais disponíveis, alguns esforços têm sido efetuados para obter plantas de cana-de-açúcar transgênicas capazes de acumular mais sacarose. A identificação de genes que agregam características agro-industriais desejáveis através de projetos genoma vem ganhando destaque nos últimos anos. Governos e iniciativas privadas têm unido esforços no fomento da pesquisa nessa área com o objetivo de obter soberania tecnológica em áreas estratégicas. Sendo assim, uma análise do transcriptoma da cana-de-açúcar tem alto potencial para associar o perfil da expressão de genes envolvidos com caracteres de interesse econômico como, por exemplo: crescimento rápido, teor de sacarose, resistência a doenças e pragas, pouca exigência em relação a solos, etc. Da mesma forma, é possível identificar genes ligados a características indesejáveis, como a isoporização, florescimento, acamamento, baixo ou excessivo perfilhamento, sensibilidade a herbicida, etc. A associação do perfil de expressão de um gene aos tratamentos descritos acima é um forte indicativo de sua função e do seu potencial para o melhoramento genético. Os microarrays de DNA (chips de DNA) surgiram como uma alternativa promissora para monitorar a atividade do genoma de forma mais completa e integrada. Amostras de DNA de sequência conhecida são depositadas em suportes de vidro e hibridizadas com amostras marcadas do DNA que se deseja investigar. O princípio é o pareamento de bases ou hibridização. Através do pareamento complementar sonda/amostra podem ser verificados os padrões de expressão de milhares de genes, comparando-se a intensidade do seu sinal nos diversos tratamentos. A quantidade de material hibridizado a uma determinada amostra serve ainda como medida da abundância do transcrito numa população de mRNA. Os processos associados ao acúmulo de sacarose e o metabolismo envolvido durante o crescimento e a maturação da cana-de-açúcar têm sido objeto de estudo intensivo. Uma das estratégias utilizadas para associar expressão gênica com uma característica desejada é comparar o perfil de expressão entre indivíduos pertencentes a uma população segregante para aquela determinada característica. Esta estratégia, denominada "genetical genomics" foi utilizada nesse presente trabalho ao avaliar o perfil de expressão gênica de uma

população de cana-de-açúcar que segrega para teor de sacarose utilizando microarrays de DNA. Esta estratégia nos permitiu identificar genes candidatos que podem controlar vias metabólicas envolvidas na síntese e acúmulo de sacarose em cana-de-açúcar. O conhecimento genético-molecular da cana-de-açúcar obtido através da análise de seu transcriptoma é de grande importância para agregar valor às novas variedades. Uma vez obtidas as informações moleculares e aplicadas ao programa de melhoramento genético, permitirão a obtenção de variedades mais produtivas, resultando em processos mais lucrativos para o setor sucroalcooleiro brasileiro.

\* Parte deste trabalho foi desenvolvido no Laboratório Genoma Funcional, Depto. de Genética e Evolução, IB – UNICAMP, sob orientação do Prof. Dr. Marcelo Menossi.