

Genômica de plantas: passado, presente e futuro

Plants genome: past, present and future

Genômica de plantas: pasado, presente y futuro

A era pré-genômica

A engenharia genética foi “inventada” por Stanley Cohen e Robert Boyer em 1973 e era limitada a uma elite de laboratórios americanos e europeus que trabalhavam com genética de bactérias, possuíam os vetores apropriados e tinham acesso às enzimas necessárias para a manipulação dos mesmos. Os métodos para a clonagem de cDNAs para a construção de bibliotecas genômicas e para seqüenciamento ainda não haviam sido publicados.

Em 1975 houve o primeiro congresso de biologia molecular nos EUA e imediatamente a imprensa se encarregou de dispersar a idéia de que “monstros” poderiam ser criados pela manipulação artificial do material genético. Apesar disso, pela primeira vez a hipótese de que um dia se pudesse entender os mecanismos de funcionamento de uma planta inteira e que esse conhecimento poderia ser usado para melhorar a produção de alimentos também foi levantada.

Em meados dos anos 70, a genômica de plantas era estudada em termos quantitativos, por técnicas de reassociação do DNA, molécula composta de duas fitas que podem ser separadas. O tempo que estas fitas levam para se reassociar depois de separadas reflete a complexidade da seqüência do DNA. Demonstrou-se que os genomas de plantas contêm grandes regiões de DNA de seqüência repetitiva, que não contêm genes, semelhantes aos animais. Em 1975 a “moda” era se estudar a organização destas seqüências repetitivas, e nenhum gene de planta havia sido clonado ou seqüenciado.

Na verdade, havia rumores de que os genes de plantas não podiam ser clonados, pois pensava-se que o DNA de plantas era “diferente”. No final da década de 70, John Bedbrook e colaboradores do laboratório de Dick

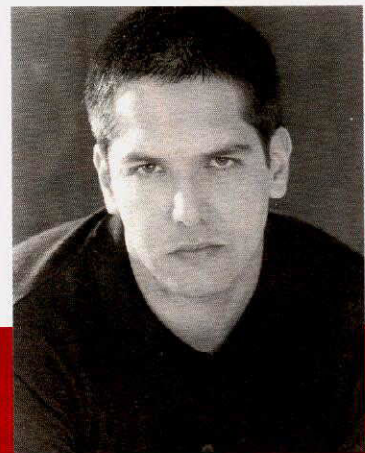
Flavell, em Cambridge, Inglaterra, provaram o contrário e demonstraram que os genes de plantas (como o de qualquer outro organismo) podiam ser clonados em vetores e mantidos dentro de bactérias. Assim, no início da década de 80, bibliotecas genômicas e de cDNAs de várias plantas foram construídas e colocadas à disposição da comunidade científica, e os primeiros genes vegetais foram seqüenciados. A era da compreensão de “como fazer uma planta” estava começando.

O primeiro genoma vegetal

O esforço para se seqüenciar todos os genes de uma planta se iniciou em 1990 com a criação de um consórcio de laboratórios europeus para seqüenciar o genoma completo de uma erva daninha européia denominada arábidoípsis ou arábete. Esta planta foi escolhida, porque ela possui um dos menores genomas conhecidos, um curto ciclo de vida (cerea de um mês), é facilmente cultivada em laboratório e, principalmente, porque se acreditava que os genomas de plantas são muito parecidos entre si (o que é verdade; as grandes diferenças estão em *como* os genes são expressos e não em *quantos* genes uma planta possui).

Assim, os conhecimentos gerados em arábidoípsis poderiam ser estendidos e aplicados a outras plantas. Em 1991 foi criado o projeto ESSA (European Scientists Sequencing Arabidopsis), ao qual juntou-se, em 1996, o Japão (Projeto Kazusa) e os EUA (vários laboratórios). Em dezembro de 1999, um acontecimento histórico: dois dos cinco cromossomos de arábidoípsis tinham sido completamente seqüenciados.

O “parto” terminou exatamente um ano depois, com a publicação dos outros três cromossomos. Assim, 20 anos após a clonagem do primeiro gene vegetal, o genoma completo



Divulgação/ IPEF

Marcelo Carnier Dornelas

de uma planta havia sido seqüenciado. Hoje, vários outros genomas vegetais, como os do milho, cana, arroz, soja etc. estão praticamente completos ou parcialmente seqüenciados.

A era pós-genômica

O seqüenciamento de um genoma significa apenas que conseguimos “ler a receita do bolo”. Daí a sermos capazes de “fazer o bolo” depende em grande parte da nossa capacidade de dispormos dos ingredientes corretos, saber combiná-los de maneira adequada e possuir os equipamentos necessários para fazê-lo. Ainda há o pesadelo de que sempre a massa possa “desandar” e que o que obtivermos não possa ser utilizado para consumo humano, seja nocivo (e na maior parte das vezes a gente só descobre isso depois de experimentar), ou seja, absolutamente inútil. Sem contar que podemos fazer um bolo e mesmo assim não compreendermos direito por que a massa cresce e por que alguns bolos têm uma casquinha crocante e outros não.

A era pós-genômica servirá para responder a estas e a outras questões. A era de se seqüenciar genomas acabou! Os genomas de plantas são tão parecidos entre si, que um gene descoberto em arábidoípsis ou cana pode ser imediatamente utilizado para “pescar” o gene equivalente em outra planta, sendo cada vez mais fútil se seqüenciar genomas inteiros. O desafio agora é compreender como uma planta inteira pode ser formada a partir de 25 mil genes e como esse conhecimento pode ser usado para produção de alimentos mais fartos e mais saudáveis, com segurança para o homem e o meio ambiente. ▲

Eng. Agrônomo, formado pela ESALQ/USP, onde também realizou mestrado em Genética e Melhoramento de plantas. Fez seu doutorado na Universidade de Paris (França) e hoje desenvolve pesquisas em genética molecular no Departamento de Ciências Florestais da ESALQ.