

Cientistas divulgam genoma de 3 mil variedades de arroz



O periódico científico de acesso aberto *GigaScience* publicou no dia 28, Dia Mundial da Fome, artigo sobre o **sequenciamento completo do genoma de 3 mil variedades de arroz**, assim como a disponibilidade de todos os dados da pesquisa em sua base de dados, [GigaDB](#), como parte do esforço para combater o problema no planeta.

Financiado pela Fundação Bill & Melinda Gates e pelo Ministério de Ciência e Tecnologia da China, o estudo pretende ajudar a **segurança alimentar no mundo**, particularmente nas suas regiões mais pobres, ao prover maneiras de melhorar o rendimento e qualidade nutritiva dos cultivos ao mesmo tempo em que reduz seu impacto ambiental e uso de recursos, permitindo o desenvolvimento de plantas resistentes a secas, pestes e doenças que possam crescer em solos com poucos nutrientes.

"O arroz é o alimento básico da maioria dos povos asiáticos e seu consumo vem crescendo na África", diz Zhikang Li, líder do projeto na Academia de Ciências Agrícolas da China e que contou com a colaboração do Instituto Internacional de Pesquisas sobre o Arroz (IRRI) e a BGI, uma das maiores organizações de estudos genômicos do mundo.

"Com a redução na disponibilidade de recursos como água e terras, a segurança alimentar é, e será, um dos maiores desafios nestas regiões, tanto agora quanto futuramente. Como um cientista que estuda a genética do arroz, é a realização de um sonho ajudar a resolver este problema", comentou.

Além da divulgação dos 13,4 terabytes de dados do genoma das 3 mil linhagens de arroz, os cientistas das três instituições coletaram e guardaram sementes de todas elas, que estão guardadas em um banco mantido pelo IRRI. A ideia é que, com isso, pesquisadores e fazendeiros possam associar diretamente as informações genéticas (genótipo) com as características físicas (fenótipo) das diferentes plantas.

Pelas práticas atuais, que permanecem as mesmas desde o surgimento da agricultura, os fazendeiros usam as características físicas do arroz como guias para a seleção e cruzamento de variedades na esperança que a combinação resulte nos traços desejados, como maior produtividade ou resistência. O problema é que **interações genéticas** desconhecidas podem bloquear ou alterar a manifestação destas qualidades, o que resulta em um difícil e demorado processo de tentativa e erro ao longo de sucessivas gerações.

Já com o genoma das plantas em mãos, pesquisadores e fazendeiros poderão identificar os **marcadores** genéticos relacionados às características físicas desejadas, assim como melhor entender como as diferentes interações genéticas afetam o fenótipo do arroz. Assim, eles poderão escolher melhor que linhagens cruzar para obterem os traços que precisam para enfrentar os eventuais estresses ambientais nas suas regiões de plantio, desenvolvendo mais rapidamente plantas melhores adaptadas às condições locais.

PESQUISA

Postado em 29/05/2014

"O acesso aos dados do sequenciamento dos 3 mil genomas de arroz vai acelerar enormemente a capacidade dos programas de cruzamento de variedades para superar os obstáculos que a Humanidade enfrentará no futuro próximo", considera Robert Zeigler, diretor-geral do IRRI.

"Este projeto colaborativo adiciona uma imensa quantidade de conhecimento sobre a genética do arroz e permite à comunidade científica global realizar análises detalhadas que, de última forma, vão beneficiar os fazendeiros mais pobres que cultivam arroz sob as condições mais difíceis", finalizou

Fonte: O Globo