

Genoma do trigo abre porta para potencializar produção de comida



A ciência está cada vez mais perto de obter o **genoma completo** de três dos principais alimentos consumidos pela Humanidade, em um esforço crucial para garantir a segurança alimentar da população mundial, que deverá atingir 9 bilhões em 2050.

Depois do sequenciamento do arroz, em 2002, e do milho, em 2009, cientistas anunciaram o primeiro rascunho do genoma do **trigo comum** (*Triticum aestivum*). Os dados sobre os três facilitarão o trabalho de pesquisadores e fazendeiros na busca e na criação de plantas com traços que se adaptem melhor às condições das regiões onde são cultivadas, como resistência a secas e pragas, além de maior produtividade e qualidade dos grãos.

O trigo é a **base da dieta** de 30% da população global, mas sua produção, de cerca de 700 milhões de toneladas anuais, caiu 5,5% entre 2000 e 2008 devido principalmente a estresses climáticos, o que contribuiu para que fosse insuficiente em cinco dos últimos dez anos. Com o genoma nas mãos, porém, fazendeiros e pesquisadores poderão, por exemplo, saber logo que linhagens devem unir para conseguir as características que procuram, sem precisar cultivar as sementes e esperar as plantas crescerem para descobrir se os cruzamentos deram certo.

"O trigo é a principal fonte de alimento de grande parte do mundo, e, com a população global crescendo rapidamente, vamos precisar de todas as ferramentas para produzir comida suficiente à luz de um clima em mudança, com menos água e terras e alterações nas dietas e expectativas de vida. Este trabalho vai dar um impulso aos pesquisadores que procuram aumentar a produtividade", resume Sonny Ramaswamy, diretor do Instituto de Alimentos e Agricultura do Departamento de Agricultura dos EUA, um dos financiadores do Consórcio Internacional para Sequenciamento do Genoma do Trigo (IWGSC), cujos primeiros resultados foram publicados em uma série de quatro artigos na edição desta semana da revista *Science*.

CÓDIGO 5X MAIOR QUE O HUMANO

Obter o genoma completo do trigo, no entanto, é um trabalho muito maior e complexo do que os do arroz e milho, tanto que até recentemente se achava que isso seria impossível usando as técnicas de sequenciamento disponíveis.

Com **17 bilhões de pares de bases**, as "letras" que compõem o DNA, o genoma do trigo é mais de cinco vezes maior que o dos seres humanos, que tem cerca de 3,2 bilhões. Além disso, ele tem muitas repetições distribuídas nos seus 21 cromossomos, que podem ser divididos em três "subgenomas" (A, B e D) com sete cromossomos cada vindos das plantas que se cruzaram em milhões de anos para dar origem à espécie moderna. Isso também fez do trigo um organismo hexaploide, isto é, com seis cópias de cada cromossomo, contra duas dos humanos, seres diploides.

Juntos, todos esses fatores fazem do genoma do trigo um desafio para o método mais comum de sequenciamento completo de genomas em uso hoje. Conhecido como “abordagem da escopeta”, ele consiste em “quebrar” o DNA em diversos fragmentos que podem ser lidos individualmente e, depois, remontados em sequência com a ajuda de computadores. Mas, com 80% das sequências de DNA e seis cópias de cromossomos virtualmente idênticos, montar esse quebra-cabeça no genoma do trigo seria difícil.

Para superar esses obstáculos, os cientistas do IWGSC primeiro separaram cada um dos cromossomos do trigo para, só então, fragmentá-los e sequenciá-los. Depois, uma outra técnica envolvendo bactérias permitiu começar a remontá-los apesar das muitas repetições. Por enquanto, o trabalho foi realizado em parte de nove dos 21 cromossomos e completado em um, o 3B, justamente o maior deles. Com isso, os cientistas acreditam já ter coberto cerca de 61% do genoma da planta e provavelmente identificado algo em torno de 95% dos seus genes, a parte do DNA responsável pela codificação de proteínas.

"Com um rascunho das sequências genéticas dos cromossomos do trigo e a primeira sequência referencial do 3B atingimos um importante ponto em nosso caminho. Agora sabemos a maneira de obter a sequência referencial dos 20 cromossomos restantes e esperamos encontrar os recursos para fazer isso nos próximos três anos", diz Catherine Feuillet, copresidente do consórcio.

Fonte: O Globo