

ENTREVISTA

A nova face da ciência

Docente da Esalq atualmente na Universidade de Leicester, na Inglaterra, o professor Mateus Mondin fala de suas pesquisas sobre melhoramento genético e analisa os rumos do conhecimento em genética

CAIO ALBUQUERQUE
De Piracicaba

A Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (Fapesp) apoia, na modalidade Novas Fronteiras, a realização de estágios de longa duração em centros de excelência no exterior.

A proposta é qualificar pesquisadores em áreas de pesquisa ainda não bem implantadas no Estado de São Paulo. Mateus Mondin, professor do Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (Esalq) da USP, é um dos beneficiários desse projeto. Atualmente em Leicester (164 quilômetros ao norte de Londres), Mondin desenvolve na Universidade de Leicester pesquisas sobre organização do genoma a partir de dados de sequenciamento genético e da análise de componentes epigenéticos. Em entrevista concedida via internet, o professor da Esalq conta um pouco da sua permanência na Inglaterra.

Jornal da USP – Situe a Universidade de Leicester e conte-nos como foi sua escolha pela Inglaterra.

Mateus Mondin – A Universidade de Leicester era uma universidade desconhecida há algum tempo, mas nos últimos dez anos deu um grande salto em qualidade, recebeu inúmeros prêmios da Times Higher Education e hoje já está entre as maiores universidades da Inglaterra. Eu tinha um bom contato com o professor Heslop-Harrison, por conta de uma parceria anterior entre ele e a professora Margarida Aguiar Percin, ainda quando eu era aluno, e foi quando nos conhecemos. Na época, ele era chefe

de um grupo de pesquisa no John Innes Centre, mas depois se mudou para a Universidade de Leicester. Isso há pouco mais de uma década. Depois de muitos encontros, contatos e ideias, ele me convidou para passar este período aqui com eles. Minha posição aqui é de *academic visitor fellow*.

JUSP – Em qual linha de pesquisa atua o professor Heslop-Harrison?

Mondin – O foco do grupo é na organização de genomas a partir do mapeamento de sequências de DNA via Fish (*Fluorescent In Situ Hybridization*), que é a única técnica que permite ver o DNA diretamente nos cromossomos. Eles têm grande interesse principalmente na variabilidade que há entre os genomas de plantas cultivadas, mas também estudam animais. Trabalham juntos no grupo de pesquisa ele e sua esposa, a pesquisadora Trude Schwarzacher, que também é professora da universidade. Além disso, ele é o editor-chefe do *Annals of Botany* e um dos editores da *Chromosome Research* e da *Theoretical and Applied Genetics*, entre outros periódicos, e ela é uma das editoras da *Genome*. Ou seja, uma boa parte do que acontece em termos de genética vegetal, genômica e citogenética (que eles chamam de *chromosome biology*) passa por aqui.

JUSP – Especificamente, qual é o projeto que estão desenvolvendo?

Mondin – Estamos trabalhando em um projeto bastante longo sobre as sequências de DNA que estão presentes no centrômero, mas que também

aparecem em outras partes dos cromossomos, mas o nosso interesse são as centroméricas. Essas sequências de DNA são chamadas de repetitivas e não codificam genes, entretanto, são fundamentais para a estrutura e funcionamentos do genoma e dos cromossomos. Na região telomérica esse tipo de sequência protege os cromossomos e no centrômero essas sequências repetitivas organizam essa estrutura responsável pela divisão celular e a transmissão do material genético. O problema é que ninguém entende como o centrômero se organiza e funciona, pois esse DNA repetitivo é muito variável entre as espécies.

JUSP – Para o melhoramento genético é fundamental entender como o centrômero funciona?

Mondin – Exato. Assim conseguiremos manipular melhor os programas de introgressão de genes e entender por que, às vezes, alguns cruzamentos não funcionam do ponto de vista da divisão celular. No meu caso, o trabalho pretende entender de maneira geral como essas sequências de DNA repetitivo evoluíram e como montá-las na ordem correta no genoma. Como esse material é muito monótono, os projetos genomas evitam essas sequências. Então, um genoma sequenciado por completo de verdade não existe, porque ninguém consegue colocar essas peças no lugar. É uma luta indescritível conseguir ordenar essas sequências nos cromossomos e ter certeza de que elas estão no lugar certo.

JUSP – Com que material o senhor trabalha?

Mondin – Para fazer esse trabalho estou utilizando uma espécie de alfafa, chamada cientificamente de *Medicago truncatula*, pois é uma espécie modelo e o sequenciamento do seu genoma está em curso. Análise as sequências repetitivas do genoma dessa espécie com ferramentas de bioinformática, moleculares e citogenéticas, e esta última é que me permite ver exatamente onde o DNA se encontra no cromossomo, como disse anteriormente, a Fish.

JUSP – Os estudos desenvolvidos na Inglaterra poderão adaptar-se às culturas agrícolas brasileiras?

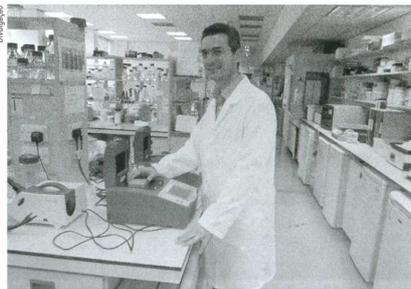
Mondin – Perfeitamente. Aqui, estamos colaborando em análises genômicas do sequenciamento da banana e de espécies de brássicas. No Brasil já temos uma parceria em pimenteira-do-reino com a Embrapa. Estamos aguardando a aprovação de um projeto com castanheira-do-Pará e ainda colaboramos com projetos em feijão fava, eucaliptos e algodão. Todos esses projetos trabalham com questões muito aplicadas ao melhoramento, ou seja, estamos saindo da teoria para o campo propriamente dito.

JUSP – Os resultados de pesquisa serão publicados?

Mondin – Recentemente, fui convidado para escrever uma análise para o blog do *Annals of Botany*, onde tratei da nova face da ciência ao analisar um relatório publicado pela Royal Society, que afirma que mais de um terço de todos os artigos publicados em revistas internacionais são produzidos de forma colaborativa entre pesquisadores de vários países.

JUSP – E o senhor concorda com essa afirmação?

Mondin – A participação global não é equitativa. Apesar do crescimento da China, Índia, Brasil e outros países emergentes, a participação desses países nos grandes projetos e o impacto de suas pesquisas ainda são tímidos. Países do G7 e a sua rede de pesquisadores fazem a maioria dos trabalhos publicados no reconhecido universo das revistas de alto impacto.



Mondin: estudos do genoma aplicados à melhoria da produção