

área de Ciência e Tecnologia dos cortes de recursos que julgou necessário fazer, ao assumir o governo, para sanear as finanças do Estado. Emerson Kapaz disse ainda que a agro-indústria é uma das prioridades para a Secretaria da Ciência, Tecnologia e Desenvolvimento Econômico, inclusive por sua força na geração de empregos. O Secretário finalizou observan-

do que o Projeto Genoma-FA-PESP vem se somar a uma série de iniciativas que vêm sendo tomadas no Estado de São Paulo em prol do desenvolvimento sócio-econômico, baseado no desenvolvimento científico e tecnológico. "Mas ele, em particular, nos dá uma enorme alegria como brasileiros, porque mexer com o setor da laranja da forma que ele irá fa-

zer significa contribuir para mudar o perfil da economia brasileira". Esse projeto, comentou o secretário, "me atrevo a dizer, até por sua metodologia cooperativa, de integração em larga escala de laboratórios, como só víamos em processos industriais, servirá de farol para outras pesquisas nas mais diferentes áreas do conhecimento".

Dividir para conquistar

Até o próximo dia 15 de novembro, todos os grupos de pesquisa do Estado de São Paulo interessados em participar do Projeto Genoma-FAPESP, mesmo sem qualquer experiência prévia em seqüenciamento genético ou interesse anterior na *Xylella fastidiosa*, devem enviar suas propostas para a FAPESP, via Internet (informações detalhadas e formulários estão no site <http://watson.fapesp.br>)

Até o dia 30 de novembro, a Fundação já deverá ter concluído a seleção dos 20 a 30 grupos que integrarão a rede de laboratórios que fará o seqüenciamento completo da bactéria causadora da Clorose Variegada dos Citros, a praga do amarelinho. Em maio de 1998, equipados todos esses laboratórios, deverá ser iniciado o trabalho de seqüenciamento propriamente, que deverá estar concluído em maio de 2000.

Nesse momento, o país provavelmente estará preparado "para fazer mais e melhor ciência", disse o professor José Fernando Perez que, juntamente com o professor Fernando Reinach, ofereceu uma antevisão do desenvolvimento do Projeto Genoma-FAPESP para os pesquisadores presentes a seu lançamento.

Perez falou sobre o surgimento da idéia do projeto em maio passado e seu desdobramento até que pudesse ser lançado: as reuniões exaustivas com o grupo de quase 20 pesquisadores paulistas que o formularam, o apoio da consultoria dos cientistas André Goffeau, que coordenou 140 laboratórios no trabalho de seqüenciamento da levedura, e Steve Oliver, que dará seguimento a esse projeto, estudando as funções biológicas do genoma da levedura. Destacou também participação do Fundecitrus, fundamental para a escolha definitiva da *X. fastidiosa* como objeto do projeto. Explicou a estrutura geral do projeto, seu caráter aberto à participação, seja de grupos ainda inexperientes em seqüenciamento, seja de empresas e até de professores do segundo grau, por meio do Programa de Apoio ao Ensino Público mantido pela FAPESP.

O projeto terá uma coordenadoria, com supervisão internacional, mais a coor-

denação de DNA, dois laboratórios centrais de seqüenciamento e treinamento, de 20 a 30 laboratórios de seqüenciamento, e um laboratório de Bio-Informática. A expectativa da FAPESP é de formar 200 bolsistas durante os dois anos de desenvolvimento do projeto.

Fernando Reinach explicou mais detalhadamente como o seqüenciamento da *Xylella fastidiosa* vai requerer da rede de laboratórios participantes do projeto o domínio da tecnologia de análise genômica, que hoje nenhum deles efetivamente tem. E assinalou que o trabalho deverá permitir uma transferência rápida de conhecimentos entre esses laboratórios e, necessariamente, exigirá deles uma atitude cooperativa.

Os 2 milhões de pares de base do genoma da bactéria serão divididos em pedaços para serem seqüenciados pelos laboratórios que integrarem a rede. Mas, para fazer a montagem do seqüenciamento com alta confiabilidade, segundo Reinach, é necessário repetir, em média, pelo menos sete vezes as seqüências. O que significa, de fato, seqüenciar 14 milhões de pares de bases nesses dois anos. Em um seqüenciamento de DNA,

se lê mais ou menos 500 bases por reação. Ou seja, serão feitas 28 mil reações de seqüenciamento.

Fernando Reinach observou, no entanto, que não existe impedimento tecnológico para esse trabalho, porque isso já foi feito no exterior e a tecnologia é apreensível. Demonstrou ainda que bastariam dois laboratórios pequenos e bem equipados para realizar todo o seqüenciamento da *X. fastidiosa* em dois anos. E daí, lançou a pergunta: "Então por que tantos?"

Primeiro, porque vai se gastar um tempo muito grande no aprendizado das técnicas do equipamento, das técnicas de informática etc. Depois, se enfrentará dificuldade no preparo dos pedaços pequenos de DNA para seqüenciamento. E, finalmente, se dispenderá um tempo grande na interpretação dos dados e na montagem da seqüência. De qualquer sorte, findo o trabalho, todos os integrantes da rede de laboratórios deverão estar equipados, dominando a técnica de análise genômica e todas as técnicas básicas de biologia molecular. "O genoma da *Xylella fastidiosa* deverá ser publicado e deveremos ter material novo e novas idéias para tentar resolver o problema da CVC".

Fernando Reinach: seqüenciamento do genoma vai exigir trabalho de cooperação entre os laboratórios

FOTO ELIANA ASSUMPTIO

