

tura desse contrato, para que os grupos se equipassem. O resto só será pago no término do trabalho de cada um e se algum laboratório não concluir sua parte, terá que devolver o equipamento adquirido.

A direção, o firme controle intelectual do projeto, exercido por pesquisadores de alto nível, “entre os melhores de suas áreas”, segundo Simpson, são também marcas do projeto paulista. “E o que temos, então, é uma competência que vai se espalhando a partir desse comando central, num impulso geral a todas as áreas de pesquisa envolvidas com o seqüenciamento”. Depois, observa ele, há uma colaboração surpreendente no nível horizontal, com a transferência de tecnologia de um grupo para outro, a contínua comunicação sobre a solução de problemas que vão emergindo, etc.

Essa avaliação é compartilhada. “De fato, há um clima de trabalhar junto, de cooperar, que é absolutamente nova na comunidade científica”, diz a professora Mayana Zatz, do Instituto de Biociências da USP, coordenadora de um dos laboratórios de seqüenciamento do projeto e há longo tempo envolvida com genética molecular. Ela observa que os pesquisadores trabalhavam muito isolados, até porque praticamente não havia pares no campo específico de cada um e, portanto, era difícil obter a opinião de um colega. Essa dinâmica nova de cooperação poderá atingir cerca de 50 laboratórios e envolver diretamente em torno de 200 pesquisadores (hoje, são cerca de 100) quando forem iniciados os dois novos projetos genoma.

A difusão de competência, junto

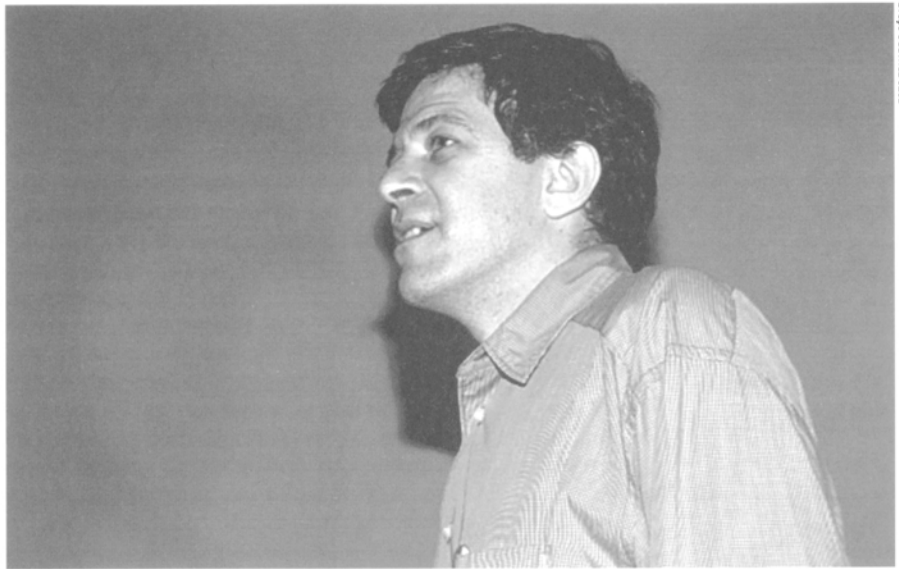


FOTO: EDUARDO CÉSAR

com a renovação do olhar do pesquisador sobre sua própria prática científica, propiciadas pelo projeto, são dois aspectos do Genoma-FAPESP enfatizados pelo professor Paulo Arruda, da Unicamp. Responsável por um dos dois laboratórios centrais de seqüenciamento, ele coordenou, em abril passado, um curso teórico/prático sobre técnicas básicas de seqüenciamento genômico para 36 pessoas de 20 laboratórios envolvidos com o projeto da *Xyllela*. Desses, 50% eram coordenadores dos laboratórios e a outra metade, pesquisadores em fase de pós-doutoramento ou estudantes de doutorado incorporados ao sistema.

“Nesse curso, onde seqüenciamos 20 clones da *Xyllela*, sentimos nitidamente que está se estabelecendo no Estado de São Paulo uma forma nova de fazer Ciência”, diz ele com indisfar-

çável entusiasmo. “Estamos aprendendo a trabalhar em alta velocidade e com uma massa de informações articuladas sendo geradas a toda hora, a que os biólogos jamais estiveram acostumados”, completa. Com leve humor, Paulo Arruda comenta que os biólogos, diferentemente dos físicos, que sempre insistiram na totalidade, estavam mais acostumados a “passar a vida inteira com uma proteinazinha”, que depende de mil outras, mas das quais eles não tomavam conhecimento. “E de repente, uma noção de interação, completamente nova, se impõe e percebemos que sequer sabemos decodificá-la ou ensiná-la aos estudantes. Estamos tendo que aprender isso”, diz.

O comentário guarda alguma relação com o de Andrew Simpson, quando ele diz que o seqüenciamento genético, viabilizado pela bioinformática, está fazendo na biologia uma revolução do porte que as linhas de montagem de Henry Ford fizeram na indústria. “É produção em alta escala, com alta padronização, gerando cada dia milhares de informações que exigem ser entendidas em conjunto”, diz.

Comprometido com esse estágio novo de produção de Ciência, o projeto da *Xyllela*, segundo Fernando Reinach, provoca também uma certa atenção internacional extra, em função de seu modelo de rede. “Há uma certa expectativa, sobretudo dos Estados Unidos, com suas verdadeiras indústrias concentradas de seqüenciamento, para ver se isso realmente funciona fora da Europa, num ambiente culturalmente tão diverso, como o brasileiro”. Se o Projeto Genoma-FAPESP for um êxito indiscutível e se os outros projetos integrantes do Programa Genoma-FAPESP tiverem sucesso, o Brasil terá criado um fato novo não apenas para si mesmo, mas para o panorama científico internacional.

Fernando Reinach: expectativa internacional quanto aos resultados do projeto da *Xyllela*

Decifrando a *Xyllela fastidiosa*

Considerados num raciocínio linear, os 578.936 nucleotídeos da *Xyllela fastidiosa* seqüenciados até o último dia 12 de maio equivalem a quase 30% dos aproximadamente 2 milhões de pares de base que compõem o genoma da bactéria. Mas, de fato, isso corresponde a cerca de 10% de todo o trabalho que precisa ser realizado até a conclusão do seqüenciamento total do genoma, prevista para o ano 2000.

Parece estranho, mas isso se explica porque os resultados obtidos num trabalho de seqüenciamento sempre avançam muito rapidamente no começo, quando lida-se, digamos, com uma massa de material virgem e, praticamente, cada nucleotídeo “capturado” e seqüenciado é novo. Depois, há uma estabilização no aparecimento de resultados em ritmo mais suave e, por fim, quando quase todo o genoma já está seqüenciado, o encontro dos últimos nucleotídeos que

faltam para completá-lo avança em ritmo penoso.

Explicando por um outro atalho: para se fazer a montagem do seqüenciamento com alta confiabilidade é necessário, na média, repetir sete vezes cada seqüência. Ou seja, para ter montada com rigor a seqüência completa dos 2 milhões de pares de base ou nucleotídeos da *Xyllela*, há que se realizar, na verdade, o seqüenciamento de 14 milhões de pares de base. Ora, até aqui foram realizados 1,3 milhão de seqüenciamentos que, descartados vetores e repetições, resultaram nos quase 579 mil nucleotídeos seqüenciados com significado real para o projeto. Assim, tem-se os cerca de 10% dos 14 milhões de seqüenciamentos previstos, resultado muito além do que era esperado para maio. Na verdade, só neste mês, de acordo com o cronograma original do projeto, estaria se obtendo os primeiros seqüenciamentos.