

## Como ter acesso ao programa

### Quem pode participar?

- Pesquisadores de universidades, centros de pesquisa e empresas do Estado de São Paulo.
- O pesquisador será o coordenador da pesquisa. Entretanto, todo projeto deve ter uma instituição parceira, responsável pela implementação dos resultados da pesquisa.
- Podem ser parceiros no projeto de pesquisa qualquer órgão ou instituição de governo, da esfera estadual ou municipal, ou, ainda, organizações não-governamentais (ONGs), desde que atuem no traçado e execução de políticas públicas.
- O Programa financiará pesquisas de problemas relevantes, em qualquer área de atuação do poder público: agricultura, abastecimento, educação, engenharia, energia, habitação, emprego e relações do trabalho, meio ambiente, saúde, saneamento, etc.

### Como se inscrever

- O pré-projeto de pesquisa deve ser apresentado pelo pesquisador, coordenador da pesquisa, a quem será dado o financiamento.
- As inscrições devem ser feitas pelo pesquisador, em formulário próprio para o Programa e preferivelmente pela Internet, no endereço eletrônico: <http://watson.fapesp.br>, com preenchimento do formulário "on line".
- O pré-projeto deve descrever os objetivos e as atividades de pesquisas que serão desenvolvidas e as formas de participação da instituição parceira.
- Cada proposta deve estar acompanhada de uma declaração de interesse da instituição parceira no desenvolvimento do projeto e o compromisso de execução e implementação de seus resultados.
- O prazo de inscrição de pré-projetos nesta primeira rodada do Programa é 30 de outubro próximo.

### Como é feita a liberação de recursos

- Cada pré-projeto aprovado recebe inicialmente R\$ 30 mil, para um estudo de viabilidade em até seis meses.
- Definida a viabilidade, estarão disponíveis mais R\$ 200 mil por projeto, para o desenvolvimento da pesquisa, que pode durar até dois anos.
- Cada projeto aprovado permite a concessão de bolsas a técnicos da instituição parceira.
- A implementação do resultado da pesquisa é de responsabilidade da instituição parceira e não é financiada pela FAPESP.

## GENOMA-FAPESP

# Incorporando novas tecnologias

O "microarray", tecnologia recente utilizada, por exemplo, para a ordenação dos genes de um genoma antes de seqüenciá-los ou analisar expressão gênica, foi o tema da palestra **Xylella Genome Group: Hybridisation-Based Genome Analysis**, realizada no dia 6 deste mês, no auditório da FAPESP. A nova metodologia, desenvolvida ao longo dos cinco últimos anos, foi apresentada por um dos seus criadores, Joerg Hoheisel, do Centro para Pesquisas do Câncer, em Heidelberg, Alemanha. O "microarray" já foi incorporado ao Projeto Genoma-FAPESP e permitiu a revisão e a complementação dos cosmídeos (fragmentos de DNA) distribuídos aos 33 laboratórios paulistas que estão trabalhando no seqüenciamento da *Xylella fastidiosa*, bactéria causadora da clorose variegada de citros (CVC).

A novidade desta técnica está na forma de tomar, um a um, fragmentos de DNA e verificar se há interações ou superposições entre eles. O resultado, obtido através de métodos computacionais desenvolvidos no centro alemão, permite a elaboração de um arranjo representado graficamente em um mapa físico do genoma. A partir desta ordenação completa do conjunto de genes a serem seqüenciados, a escolha dos fragmentos é 100% racional.

Quando enfatiza que seu interesse está na tecnologia, Joerg Hoheisel não deixa dúvidas sobre o princípio que orienta seu trabalho: a necessidade de contribuir para o desenvolvimento da Biologia com recursos tecnológicos aplicáveis a diferentes áreas. Uma das afirmações que fez durante a palestra resume sua filosofia: "No futuro, o médico coletará uma gota de sangue do paciente, colocará em uma máquina e, em dez minutos, será capaz de diagnosticar qualquer doença". A rigor, com o rápido avanço na tecnologia de seqüenciamento genético, campo onde seu trabalho é reconhecido internacionalmente, será possível detectar a presença do câncer ou do DNA de um organismo causador de infecções com muita rapidez.

Sob outro aspecto, a contribuição do pesquisador também adianta o futuro para os cientistas de São Paulo. Para Andrew Simpson, coordenador de DNA do Projeto Genoma-FAPESP, "até agora, a defasagem do Brasil em relação aos Estados Unidos, no que diz respeito à aplicação de tecnologia, tem sido de cinco a dez anos, mas aquele

FOTO EDUARDO CÉSAR



Joerg Hoheisel: desenvolvendo tecnologia para, no futuro, identificar qualquer doença em uma gota de sangue

projeto está mudando radicalmente esta situação na área de Biologia Molecular", afirma. "A qualidade da pesquisa, iniciada em dezembro do ano passado, é a responsável pela aproximação de cientistas e instituições de alto nível, e o acesso aos avanços tecnológicos internacionais e aos responsáveis pelo seu desenvolvimento passa a ser muito mais amplo e ágil", completa. Na verdade, este é também um dos objetivos do Projeto: garantir condições para o constante aperfeiçoamento dos profissionais envolvidos.

O "microarray" mudou completamente os rumos do projeto de seqüenciamento da *Xylella* em fevereiro deste ano, com a viagem da pesquisadora da Unicamp, Anette Pereira, a Heidelberg. Durante dois meses, no laboratório do professor Hoheisel, ela produziu a biblioteca dos fragmentos da *Xylella*, clonado em cosmídeos. Em seguida, em colaboração com os pesquisadores Marcus Frohme, de Heidelberg, e Anamaria Camargo, do Instituto Ludwig, foi feita a ordenação desses cosmídeos no mapa físico. "Ao final deste trabalho, mudamos nossas estratégias, pois verificamos que esta opção era a mais correta, perfeitamente de acordo com a estrutura do nosso projeto", diz Andrew Simpson. "Naquele momento, percebemos que, além de ser o primeiro seqüenciamento completo de um organismo realizado no Brasil, o nosso projeto também seria inédito pela forma de trabalhar o genoma de uma bactéria". Hoje, a equipe comemora a escolha da metodologia, uma das muitas alternativas para fazer o seqüenciamento de um genoma.

O enorme poder do "microarray" está ainda na possibilidade de analisar, simultaneamente, a expressão de todos os genes de um genoma, o que pode ser aplicado a uma grande quantidade de projetos em andamento em São Paulo. Para os projetos Genoma-Câncer e Genoma-Cana, a serem lançados brevemente, esta tecnologia também significa um impulso significativo.