

## Dois passos importantes

Trabalhando em ritmo acelerado, os 33 laboratórios participantes do Projeto Genoma-FAPESP já seqüenciaram 94% dos genes da *Xylella fastidiosa*, bactéria responsável pela doença Clorose Variegada de Citros (CVC), ou praga do amarelinho, que atinge 34% dos laranjais paulistas. Imediata e concomitantemente, eles iniciaram a fase de anotações, ou análise das funções biológicas de cada um dos genes. O começo das análises já trouxe duas importantes revelações: foram descobertos genes que podem explicar a patogenia da *Xylella* e há fortes indícios de que as bactérias “conjugam”, ou seja, são capazes de trocar informações genéticas entre si, através de plasmídeos e, dessa forma, recombinar-se para terem maior sobrevivência.

As descobertas sobre a patogenia e sobre os primeiros genes do tipo TRA, com características de conjugação, foram relatadas pela equipe do professor Fernando Reinach, do Instituto de Química da USP, líder de um dos dois laboratórios centrais do Projeto.

As novas informações e o anda-

mento do Projeto foram debatidas pelos representantes dos 33 laboratórios participantes, em reunião realizada no dia 1º deste mês, no auditório da Fundação. O Projeto Genoma-FAPESP foi lançado oficialmente em outubro do ano passado e, pelo cronograma inicial, somente no mês de julho último deveriam ter sido iniciados os trabalhos de seqüenciamento genético da *Xylella fastidiosa*.

Para Andrew Simpson, coordenador de DNA do Projeto, a rapidez com que ele está se desenvolvendo e os avanços conseguidos na capacitação dos profissionais participantes é surpreendente. “Todos estão indo muito bem. As primeiras anotações, previstas para o ano 2000, já estão sendo feitas, e isto mostra que a equipe está conseguindo rápidos progressos”, afirma com entusiasmo. Para definir a qualidade da ciência brasileira, o pesquisador inglês não hesita: “não tem melhor”. Para ele, o grupo de cientistas do Organization for Nucleotide Sequencing and Analysis (ONSA), laboratório

virtual formado pelos centros paulistas integrantes do Projeto Genoma-FAPESP, atingiu um ponto alto em pouquíssimo tempo. “Esta equipe é poderosa, capaz de fazer qualquer coisa”, diz, quando se refere a possíveis desdobramentos na área da Biologia Molecular.

O professor José Fernando Perez, diretor científico da Fundação e um dos idealizadores do Projeto, também não disfarça sua admiração diante das metas atingidas. “Este segundo balanço foi necessário porque estamos próximos da determinação do código genético da *Xylella*. Mas isto não quer dizer que o trabalho está perto de sua conclusão. O projeto para identificação das funções biológicas desses genes está sendo montado e deverá começar em meados de 1999, quando a estrutura completa do DNA da bactéria for conhecida”, especula o cientista.

Ele também não esconde seu entusiasmo quanto aos pesquisadores participantes. “Até aqui podemos afirmar que demos um grande salto em termos de qualificação de nossos pesquisadores. A elevação dessa competência em Biotecnologia permitirá ao Brasil avançar muito na campo da investigação científica. A Genética Molecular é uma arma fundamental na obtenção de soluções para áreas como meio ambiente, pecuária, agricultura e saúde pública”.

O conhecimento da estrutura genética de plantas relevantes do ponto de vista científico e socioeconômico e de outros agentes patogênicos continua na pauta da FAPESP. O próximo projeto a ser anunciado, o Genoma-Cana, tem como objetivo seqüenciar, em parceria com a Copersucar, cerca de 50 mil genes responsáveis pelo crescimento, produtividade, teor de açúcar e por outros parâmetros da cana-de-açúcar (veja edição nº 31 do *Notícias FAPESP*), para melhoramento da planta. Segundo Paulo Arruda, pesquisador do Centro de Biologia Molecular e Engenharia Genética da Unicamp (outro laboratório central do Genoma-FAPESP), “a escolha da cana-de-açúcar se deve à sua importância para a economia paulista. São Paulo é responsável por 60% da produção nacional e o agronegócio proporciona 600 mil empregos diretos, movimentando pelo menos US\$ 8 bilhões anualmente no Estado”.

