

Projeto Genoma entra em nova fase

O Projeto Genoma *Xylella* está entrando em uma nova fase. No meio do caminho para a identificação das funções biológicas dos cerca de mil e duzentos genes da *Xylella fastidiosa*, a FAPESP está propondo mais um desafio: o avanço das pesquisas com novas hipóteses sobre a Clorose Variada de Citrus (CVC) — doença provocada pela bactéria —, para a organização do projeto Genoma Funcional. Aliás, foi concedido em 1º de outubro o primeiro auxílio para um trabalho dessa natureza. Orientada por Helaine Carrer, do Departamento de Química da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (Esalq/USP), Maria Clara Pestana está estudando o “Isolamento de promotores específicos de xilema para a expressão dos genes 60 e Pr5k em *Catharanthus roseus* e Citros no controle da *Xylella fastidiosa*”.

O anúncio oficial da abertura do Genoma a cientistas de outras áreas foi feito em 30 de outubro, durante um workshop que contou com a participação de pesquisadores envolvidos no seqüenciamento e grupos atuantes em bioquímica, biologia molecular e fitopatologia. No encontro, foram discu-

de um dos dois laboratórios centrais, e Sérgio Pascolatti, da Esalq.

“Queremos encontrar uma forma de disponibilizar os dados para que os pesquisadores interessados na biologia da *Xylella* possam submeter à FAPESP novos projetos na área de fitopatologia”, afirmou o professor Reinach no início dos debates com especialistas desta área. Para ele, esse é o primeiro passo para a organização do Genoma Funcional, um projeto com o objetivo de estimular a formulação de propostas para controle da CVC, ou praga do amarelinho, vinculadas aos dados do Genoma *Xylella*.

Organizado por Marcos Machado, do Centro de Citricultura Sylvio Moreira, do Instituto Agronômico de Campinas, o encontro marca um momento importante para a Biologia Molecular. Pela primeira vez, pesquisadores paulistas poderão utilizar um agente patogênico seqüenciado para propor estudos inéditos. Antes mesmo do término do seqüenciamento, que deve aconte-

Na visão dos fitopatologistas, a pesquisa sobre os mecanismos de ataque e os de defesa e a participação dos genes na interação planta-patógeno oferece muitos desafios. A bactéria é bastante especializada, seu cultivo é difícil e os sintomas demoram a aparecer na planta inoculada. Por isso, os estudos fisiológicos e bioquímicos devem ser conduzidos em condições naturais e controláveis.

Fernando Reinach, entretanto, destaca a oportunidade de ampliar a participação de pesquisadores dispostos a refletir sobre novos projetos relacionados ao estudo da doença. “Não iremos esperar o fim dos trabalhos de anotação (registro das funções biológicas de cada um dos genes) para dar início aos estudos sobre a CVC. Temos o privilégio de conhecer e o dever de utilizar as informações do genoma da *Xylella*

para dar continuidade às pesquisas. É uma chance única”, enfatiza.

Encontros deste tipo devem continuar a acontecer, e seus resultados definirão os parâmetros do Genoma Funcional. A indução de novos projetos e a colaboração interdisciplinar, de acordo com os organizadores do encontro, ampliará o conhecimento sobre um problema de grande importância para a agroindústria brasileira.

cer em até um ano, será possível levantar hipóteses e indicar soluções em relação à doença. A *Xylella fastidiosa* foi identificada em 1973, mas só foi reconhecida como causadora da CVC em 1993.

tidas as formas de utilização das informações genéticas já obtidas para entender o funcionamento da bactéria. Antes das discussões sobre a expansão do projeto, foram realizadas exposições sobre o estágio atual dos trabalhos e sobre a fisiologia e bioquímica da patogenicidade de bactérias em plantas pelos professores Andrew Simpson, coordenador do Genoma, Fernando Reinach, do Instituto de Química da USP e chefe



SECRETARIA
DA CIÊNCIA
TECNOLOGIA E
DESENVOLVIMENTO
ECONÔMICO



GOVERNO DO ESTADO
DE SÃO PAULO