

# Cercos progressivo ao amarelinho

*Tabaco, proteínas e cola são fontes de estudo sobre a Xylella*

Os pesquisadores do Projeto Genoma Funcional estão anunciando três novas contribuições científicas para a elucidação dos mecanismos de patogenicidade da bactéria *Xylella fastidiosa*, agente causador da Clorose Variegada dos Citros (CVC), o popular amarelinho. Depois de concluído o seqüenciamento dos genes desse microrganismo, 21 grupos de cientistas estão debruçados sobre o resultado do genoma *Xylella* para entender o funcionamento da bactéria e, posteriormente, elaborar estratégias para livrar os laranjais brasileiros da praga da CVC.

A primeira novidade resolve um dos problemas do estudo da *Xylella* que é a falta de um modelo experimental de planta para estudos da doença. O professor Sílvio Lopes, do Laboratório de Biologia Molecular da Universidade de Ribeirão Preto (Unaerp), concluiu um estudo junto com sua equipe indicando uma variedade de tabaco (*Nicotiana tabacum*) que poderá ser usada como modelo experimental. Quando inoculado artificialmente com a bactéria *Xylella*, o tabaco permite uma rápida colonização, pelo patógeno, de seu sistema vascular e expressa os sintomas nas folhas em pouco tempo.

Outro estudo é um banco de dados com as proteínas sintetizadas pela *Xylella*, disponibilizado pelo Laboratório de Química de Proteínas da Universidade Estadual de Campinas (Unicamp). Segundo o pesquisador Marcus Bustamante Smolka, um mapa com 816 proteínas da bactéria recebe os últimos preparativos para estar disponível em breve na Internet, servindo ou-

tras instituições que trabalham no Programa Genoma Funcional.

O terceiro estudo identificou uma goma produzida pela bactéria que permite a ela se fixar no xilema (sistema vascular da planta) e no aparelho sugador dos insetos que transmitem a doença. “A *Xylella* vive em locais muito turbulentos e a cola assegura a sobrevivência dela”, explica Felipe Rodrigues da Silva, pesquisador do Centro de Biolo-

trabalho dos outros laboratórios, numa integração que tem sido uma característica do Programa Genoma da FAPESP. No tabaco, por exemplo, será possível testar a função dos diversos genes que, aparentemente, estão envolvidos na capacidade de a *Xylella* colonizar e causar doença em laranjeiras. O estudo, que identificou essa planta como modelo experimental, foi recentemente aceito para publicação



SÍLVIO LOPES

gia Molecular e Engenharia Genética da Unicamp. “Detectamos que a bactéria faz esse tipo de cola e conseguimos induzi-la a produzir tal substância em laboratório. Agora, estamos analisando a bioquímica dessa cola – chamada de fastidiana – que é um polissacarídeo, um tipo de açúcar.” No futuro, o estudo dessa cola e das proteínas da *Xylella* poderá contribuir para a elaboração de um bactericida ou de uma outra estratégia para eliminar o amarelinho.

**Laranjeira não dá** - Todas as novas descobertas estão disponíveis para o

pela revista *Plant Disease*, da Sociedade Americana de Fitopatologia.

As laranjeiras demoram muito tempo para manifestar os sintomas e nem todas se infectam quando inoculadas artificialmente com o patógeno. “Às vezes, inoculamos dez plantas e apenas três ou cinco apresentam sintomas depois de três meses a um ano, inviabilizando seu emprego nas pesquisas”, afirma Lopes. “Com as plantas de tabaco, que foram inoculadas, aconteceu o contrário. Todas expressaram sintomas nas folhas em no máximo 60 dias após as inocula-

ções. “Vale lembrar que o tabaco foi a única espécie vegetal que apresentou alta suscetibilidade à *Xylella* dentre as mais de 20 espécies pesquisadas.”

Outra novidade do Projeto Genoma Funcional é a reestruturação dos estudos em quatro subáreas. “A divisão visa a acelerar o desenvolvimento do projeto e aumentar o intercâmbio entre os grupos”, explica o professor Jesus Aparecido Ferro, da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da Universidade Estadual Paulista (Unesp) de Jaboticabal, um dos dois coordenadores do projeto, junto com Ana Cláudia Rasera, do Instituto de Química da Universidade de São Paulo (USP).

res do projeto vão se reunir mensalmente e analisar as metas dos trabalhos acertadas no mês anterior. Todos os participantes terão uma nova ferramenta para se comunicar. No site [www.lbm.fcav.unesp.br](http://www.lbm.fcav.unesp.br) os pesquisadores farão relatórios atualizados todos os meses com o curso das pesquisas. “Cada grupo dirá o que deu certo e o que não deu. As tentativas negativas são importantes para que não haja repetições de procedimentos e nem tempo gasto inutilmente”, afirma o professor Ferro.

**A dança dos grupos** - As subáreas estão divididas em quatro grupos: crescimento, transformação, DNA-array

Bioquímica do Instituto de Química da USP, e de Marilis do Valle, do Departamento de Microbiologia do Instituto de Ciências Biomédicas (ICB) da USP.

No grupo de DNA-array proteoma estão sendo identificados quais genes são responsáveis pela infecção na planta e quais geram a doença. Nessa subárea também estão alojados os grupos que identificam e analisam todas as proteínas sintetizadas pela *Xylella*. A coordenação é de José Camillo Novello, do Departamento de Bioquímica da Unicamp, e de Regina Costa de Oliveira, do Núcleo Integrado de Biotecnologia da Universidade de Mogi das Cruzes. Na úl-



JAIME SANTOS/FCAV-UNESP



MIGUEL BOYAVAN

Ferro: reorganização acelera o projeto. Ao lado, xilema da folha de tabaco com a presença, no centro, da *Xylella*. Na página anterior, à esquerda, planta de tabaco normal e, à direita, infectada

A decisão de reestruturar o Genoma Funcional partiu de uma sugestão do comitê de assessores externos que analisou o andamento do programa e indicou uma nova organização para os estudos. O parecer foi acatado pela diretoria científica da FAPESP, que chamou todo o grupo para uma reunião no dia 27 de abril último, quando as novas estratégias foram anunciadas e discutidas. Assim, ficou definido que cada subárea terá um subcoordenador e dois assessores externos. Esses subcoordenadores mais os coordenado-

proteoma e fisiologia. O primeiro vai estabelecer método de crescimento da bactéria *Xylella* em cultura a ser usado por todos os pesquisadores do projeto. Esse grupo é coordenado por Márcio Rodrigues Lambais, do Departamento de Ciência do Solo da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiróz (Esalq) da USP. O grupo de transformação desenvolve técnicas de manipulação genética para obter um sistema que faça a transferência e o desligamento dos genes da bactéria. A coordenação é de Suely Lopes Gomes, do Departamento de

tima subárea, a de fisiologia, estão reunidos grupos de estudo sobre a ecologia, fisiologia, bioquímica e epidemiologia da bactéria, sob a coordenação de Luis Eduardo Aranha Camargo, da Esalq-USP.

A reorganização dos estudos do Programa Genoma Funcional representa mais que uma estratégia na batalha para derrotar o amarelinho. É uma contribuição que gera conhecimento para esse novo modo operativo e coletivo de estudo, ainda inédito como programa de pesquisa da ciência brasileira. •