

Mais duas bactérias na mira da Onsa

Pesquisadores vão decodificar genes da Xylella da videira e da Leifsonia

Depois de decifrar o genoma da *Xylella fastidiosa* e se aproximar da conclusão dos projetos genoma cana, câncer e *Xanthomonas axonopodis pv citri*, pesquisadores ligados à Organização para Sequenciamento e Análise de Nucleotídeos – Onsa, a rede virtual de laboratórios de pesquisa genômica criada pela FAPESP, iniciam a decodificação dos genomas de duas outras bactérias: o da variedade da *Xylella* responsável pela destruição das videiras e o da *Leifsonia xyli subsp. xyli*, conhecida anteriormente como *Clavibacter*, que ataca o talo da cana-de-açúcar. Os dois projetos se desenvolvem no âmbito de um novo programa, batizado de Genomas Ambientais e Agrônômicos.

O projeto de sequenciamento da *Xylella* das videiras será desenvolvido em parceria com o Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA). A bactéria, parente próxima da *Xylella fastidiosa*, ameaça as videiras da Califórnia, região produtora de vinhos nobres. Igualmente transportada por espécies da cigarrinha, a

Xylella da vinha provoca a doença de Pierce, que entope os vasos que transportam a seiva, causando a redução de tamanho e amarelamento das folhas e a morte da planta. O resultado é um prejuízo anual estimado em US\$ 40 milhões.

O acordo de cooperação entre o USDA e a FAPESP já está assinado. As duas instituições vão dividir um investimento de US\$ 500 mil na aquisição de seis máquinas de última geração que serão utilizadas na decodificação do genoma. Os resultados serão divulgados até agosto de 2001.

O projeto de sequenciamento do DNA da *Xylella* da videira foi disputado por laboratórios norte-americanos. Na tentativa de fechar o acordo com o USDA, os pesquisadores do Joint Genome Institute (JGI) de Walnut Creek, na Califórnia, se ofereceram para realizar a leitura do DNA da bactéria em duas semanas e, posteriormente, chegaram a reduzir esse prazo para apenas um dia. Mas a pressa pode ser inimiga da perfeição. Edwin Civerolo, do Serviço de Pes-

quisa Agrícola (ARS) do USDA, declarou à *Folha de S. Paulo* que “nunca ficou claro como esse sequenciamento poderia ser feito tão rápido”. Além disso, a equipe do JGI não se comprometia a fazer as anotações do genoma, ou seja, identificar, entre milhões de “letras” químicas, as receitas de proteínas específicas. Essa omissão contou pontos a favor da rede Onsa. “Tempo é um parâmetro crítico, mas a qualidade e a interpretação dos dados também”, comentou à *Folha* o responsável por programas internacionais no ASR/USDA, Richard Greene. O Brasil ganhou a disputa e o JGI ficou com a tarefa de sequenciar outra cepa da *Xylella* que ataca plantas da amendoeira.

Genômica comparativa - O acordo com os americanos é estratégico, uma vez que coloca o Brasil como parceiro de uma instituição do porte de um USDA, uma espécie de Ministério da Agricultura dos Estados Unidos, e reafirma o interesse internacional pelo programa funcional da





Xylella da videira: projeto vai buscar o controle da doença de Pierce

diz José Fernando Perez, diretor científico da FAPESP.

No caso da *Xylella* da videira, os pesquisadores brasileiros vão utilizar a mesma estratégia adotada na decodificação do genoma do *Xanthomonas axonopodis pv citri* para facilitar a anotação. “Não vamos seqüenciar o genoma completo”, explica Marie-Anne Van Sluys, do Instituto de Biociências da Universidade de São Paulo (USP), que, junto com Mariana Cabral de Oliveira, coordena o projeto. O genoma da bactéria que ataca as vinhas deve ter entre 2,7 milhões e 3 milhões

FOTOS: DELEPH MARTINS/SPULSAR



A bactéria *Leifsonia* se propaga pelo uso do facão contaminado e ataca as touceiras de cana

Xylella, praga que ataca mais de 150 plantas em todo o mundo. “Não se trata de venda de serviços, mas de uma pesquisa de importância científica que permitirá a genômica comparativa das *Xylellas* da uva e da laranja e que pode ajudar a entender a patogenicidade de cada uma delas”,

de pares de base. Serão seqüenciados pedaços aleatórios do genoma, de tal forma a cobrir entre 1.000 e 4.000 pares de base, ou seja, a oitava parte do genoma. “A nossa intenção é chegar o mais próximo possível da cura e caminhar na direção do controle da doença”, afirma Marie-Anne.

Os resultados também permitirão identificar semelhanças e diferenças que possam existir entre a *Xylella* dos

citros e a da videira e até mesmo confirmar se as duas bactérias são mesmo variedades distintas da *Xylella*, já que a classificação atual foi feita por critérios convencionais da bacteriologia e não pelo seqüenciamento do genoma.

Genoma da *Leifsonia* - O programa de seqüenciamento do genoma da *Leifsonia xyli subsp. xyli* também será resultado de cooperação internacional. A proposta de parceria foi feita por um instituto de pesquisa da Austrália, país produtor de cana-de-açúcar que convive com a praga nas touceiras da planta. Também será co-financiado pela Cooperativa dos Produtores de Cana, Açúcar e Álcool do Estado de São Paulo (Copersucar), que já tinha manifestado interesse em patrocinar a pesquisa. Neste caso, será seqüenciado o genoma completo da bactéria, que, os pesquisadores suspeitam, deve ter algo em torno de 3 milhões de pares de base.

A *Leifsonia* se desenvolve no mesmo núcleo ecológico da *Xylella*, mas com hospedeiro distinto, no caso a cana-de-açúcar, e é transmitida pelo caldo da cana que fica no facão, na hora da colheita. A decodificação do genoma deverá expor

os genes envolvidos com a patogenicidade da bactéria e permitir a identificação dos genes-candidatos ao controle da doença. “Queremos observar se ela tem os mesmos padrões quando em contato com a uva ou com a laranja”, explica Luís Eduardo Aranha Camargo, do Departamento de Fitopatologia da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (Esalq), da USP. •