



John Quackenbush, da TIGR



Charles Auffray, do CRNS



Sergio Verjovski, da USP



Tânia Beatriz, da UFSC

FOTOS EDUARDO CESAR

## GENOMA

# BIG, a grande conferência

*Relatos de personalidades e projetos de peso marcam evento internacional*

**C**onvidados da Europa, dos Estados Unidos, África, América Latina e Austrália eram as grandes estrelas do evento, mas foram os brasileiros que deram as boas notícias da BIG Conference, sigla de *Brazilian International Genome Conference*, reunida de 26 a 29 de março no balneário fluminense de Angra dos Reis.

Foi anunciado o projeto de sequenciamento parcial do parasita *Schistosoma mansoni*, causador da esquistossomose, e apontada pela primeira vez a região genética onde se pode esconder o mecanismo biológico que permite o ataque aos laranjais por duas bactérias diferentes, *Xylella fastidiosa* e *Xanthomonas citri*. A BIG foi organizada pela FAPESP, o Instituto Ludwig de Pesquisa sobre o Câncer e o Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), com apoio da revista britânica *Nature*.

Com mais de 500 inscritos e 50 palestrantes, a conferência serviu também para apresentar à elite da genômica a Rede Nacional de Sequenciamento do Pro-

projeto Genoma Brasileiro. Lançada em dezembro pelo CNPq, a iniciativa abrange 25 laboratórios de biologia molecular do país, que sequenciarão o genoma da *Chromobacterium violaceum*, bactéria importante para as áreas ambiental, industrial e de saúde pública. Seu mapeamento genético foi proposto por Tânia Beatriz Creczynski-Pasa, da Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC).

Na abertura do evento, o diretor científico da FAPESP, José Fernando Perez, anunciou o projeto do *Schistosoma mansoni*, que será tocado por laboratórios da Universidade de São Paulo (USP), Universidade Estadual de Campinas (Unicamp) e do Instituto Ludwig, com apoio dos institutos Butantan e Adolfo Lutz. Orçado em US\$ 850 mil e previsto para 12 meses, o projeto usará o método Orestes, desenvolvido na filial brasileira do Ludwig para gerar informações sobre as regiões codificadoras (que dão origem a proteínas) do genoma. A me-



ta é produzir 120 mil ESTs (etiquetas de sequências expressas) a partir do DNA do parasita. “Vamos estudar estágios do ciclo de vida do parasita para

tentar entender sua biologia. Nosso objetivo final é desenvolver novas formas de tratamento ou uma vacina contra a esquistossomose”, disse Sergio Verjovski-Almeida, do Instituto de Química da USP, coordenador do projeto. A esquistossomose, que causa lesões no fígado, hemorragias e a chamada barriga d’água, afeta 10 milhões de brasileiros, sobretudo no Nordeste e Centro-Oeste, onde é endêmica, e mais de 200 milhões de habitantes de zonas tropicais do planeta.

Nos dois primeiros dias e parte do terceiro, as discussões giraram em torno do genoma humano. Houve apresentações de bioinformática – o aparato metodológico-computacional envolvido na montagem dos fragmentos sequenciados de DNA e na procura, com *softwares*, de genes contido no código genético de qualquer organismo. Nessa área, destacou-se a palestra de Walter Gilbert, da Universidade de Harvard, que ganhou o Prêmio Nobel de Química de



Winston Hide, do Sanbi



Kurt Wuthrich, do ETH



Robert Strausberg, do NCI



Gene Myers, da Celera

FOTOS EDUARDO CESAR



EDUARDO CESAR

Platêia seleta: é grande a possibilidade de uma repetição do evento no próximo ano

1980 por desenvolver uma das primeiras técnicas de seqüenciamento rápido de nucleotídeos (pares de bases), o chamado método químico, usado entre meados das décadas de 70 e 80.

Atraiu grande interesse a fala de Gene Myers, da Celera, empresa norte-americana de biotecnologia que produziu uma versão privada do genoma humano e é a grande rival do seqüenciamento feito pelo consórcio público. Este, aliás, estava representado por Tim Hubbard, chefe do Grupo de Análise do Genoma Humano do Sanger Centre, o braço britânico da iniciativa. Já John Quackenbush, do The Institute for Genomic Research (TIGR), dos Estados Unidos, um pesquisador de estilo despojado, fez a platêia rir ao tratar de um tema árido, o uso de *microarrays* para analisar

áreas expressas de genoma em certas condições. E Winston Hide, do South African National Bioinformatics Institute (Sanbi), se disse “excitado por falar para uma platêia do Hemisfério Sul”. Robert Strausberg, do Instituto Nacional de Câncer dos EUA, comentou as pesquisas genômicas em sua área. O francês Charles Auffray, do Centre National de la Recherche Scientifique (CNRS), mostrou os trabalhos de sua instituição com genes humanos expressos no cérebro e nos músculos. O suíço Kurt Wuthrich, do Instituto Tecnológico de Zurique (ETH), falou sobre o príon, forma de proteína que provoca no cérebro humano a doença de Creutzfeldt-Jakob, distúrbio degenerativo raro e fatal, semelhante à encefalopatia espongiforme bovina ou mal da vaca louca. “Estamos tentando entender a estru-

tura dessa proteína e ver o que ela faz”, afirmou Wuthrich. A genética de plantas ocupou o fim do terceiro dia.

Nos genomas bacterianos, que ficaram para o final, a pesquisa nacional teve destaque. Além do fim do seqüenciamento da bactéria *Xanthomonas citri*, causadora do cancro cítrico, e da formação da rede nacional para decifrar o DNA da *Chromobacterium*, anunciou-se o estudo comparativo do material genético de seis bactérias, apresentado por Marie-Anne van Sluys, do Instituto de Biociências da USP. De posse da configuração geral do genoma da *Xylella fastidiosa* que ataca videiras da Califórnia, cujo seqüenciamento por laboratórios paulistas está praticamente concluído, ela confrontou esses dados com os de três variantes da mesma bactéria – dos citros, da amendoeira e da espirradeira – e com os de duas cepas da *Xanthomonas*, a *citri* (dos laranjais) e a *campestris* (de outras culturas). Segundo as primeiras conclusões, há uma região de cerca de 25 mil pares de bases só presente nos genomas das bactérias especializadas em citros. “Essa região é candidata a um estudo mais detalhado: pode conter informações importantes para entendermos como ocorrem as infecções”, afirmou a pesquisadora da USP. Encerrada nesse clima de boas perspectivas para a genômica nacional, a BIG Conference pode ser reeditada no próximo ano. “O evento foi um sucesso”, resumiu Andrew Simpson, do Instituto Ludwig e idealizador da conferência. •