

# Prova de irmandade

Linhagem da *Xylella* que ataca a uva compartilha 98% dos genes com a cepa que infecta a laranja

Controle biológico: na foto maior, as vespas usadas para combater as cigarras (foto menor) que transmitem a *Xylella* às videiras



Comparar o conjunto de genes de dois organismos é um recurso hoje muito empregado na busca das individualidades de cada ser. Num trabalho publicado na edição de fevereiro da revista científica *Journal of Bacteriology*, uma equipe de pesquisadores paulistas confrontou os genomas de duas variedades da bactéria *Xylella fastidiosa* – uma que causa a Clorose Variegada dos Citros (CVC) na laranja e outra que desencadeia a doença de Pierce na videira – e viu que as duas linhagens são extremamente parecidas: 98% dos genes do patógeno da uva são compartilhados com o agente infeccioso dos citros, e as proteínas produzidas pelas duas são quase idênticas (semelhança de 95,7% em média). A *Xylella* da videira tem 2.066 genes, dos quais apenas 51 não estão presentes na bactéria da laranja, que é ligeiramente maior, com 2.249 genes.

Tal grau de semelhança levou os cientistas à conclusão de que ambos os

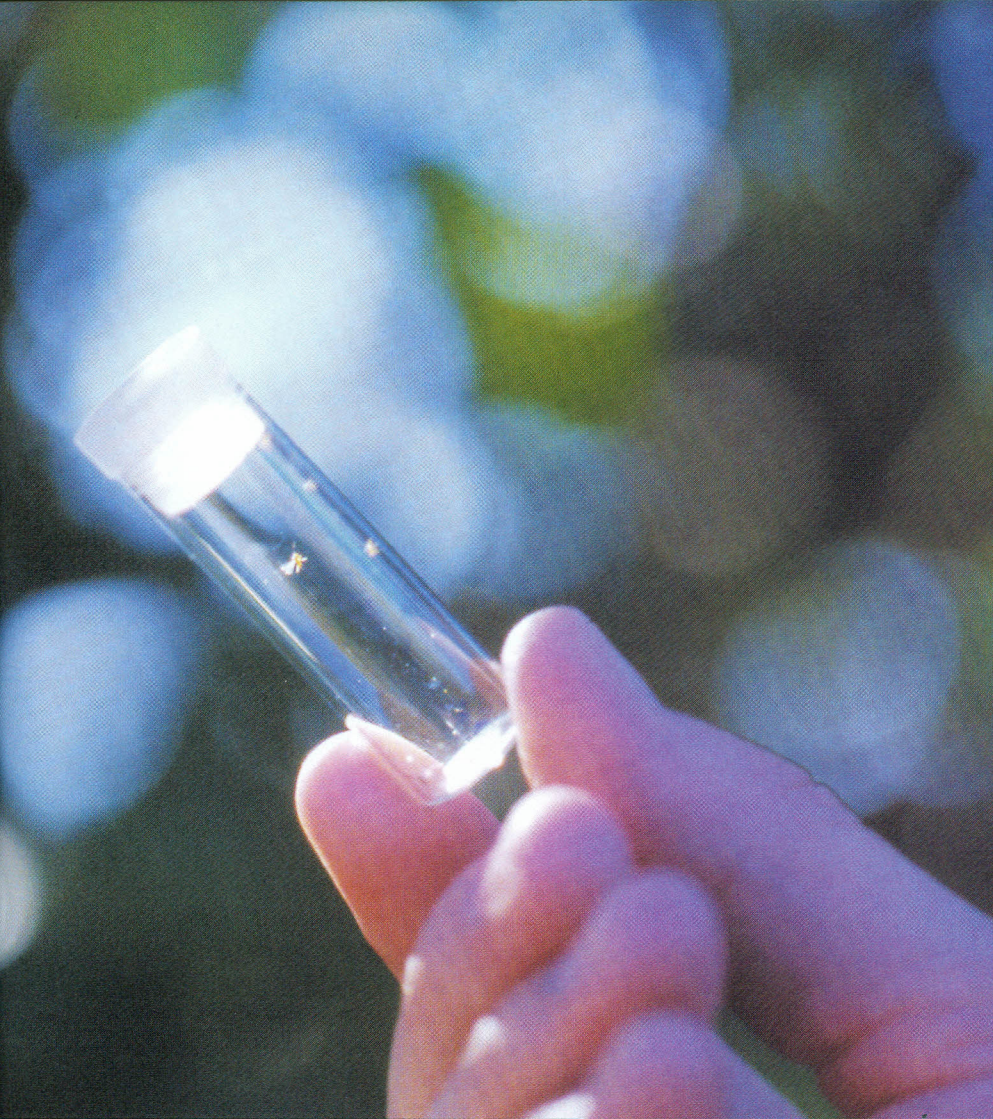
patógenos provavelmente lançam mão do mesmo conjunto de genes para infectar e causar doenças em suas respectivas vítimas. “As funções metabólicas das duas linhagens são idênticas e permitem traçar uma estratégia convergente em termos de genoma funcional”, afirma Marie-Anne Van Sluys, do Instituto de Biociências da Universidade de São Paulo, coordenadora da equipe que escreveu o artigo. Isso quer dizer que, na maioria dos casos, basta entender o papel dos genes em uma das bactérias para se deduzir a sua função na outra cepa de *Xylella*. Em termos práticos, se, por exemplo, for descoberta uma forma de controle da infecção que leva à CVC, o popular amarelinho, esse conhecimento provavelmente será útil ao desenvolvimento de uma estratégia semelhante contra a doença de Pierce – e vice-versa.

Além de serem em grande medida idênticos, os genes das duas bactérias ocupam, na maioria das vezes, o mesmo lugar no DNA. Há, no entanto, re-

arranjos internos que tornam um genoma diferente do outro. As regiões de fagos (segmentos genômicos vindos de vírus) do genoma da *Xylella* da laranja são, por exemplo, distintas, em número e conteúdo, das existentes na linhagem que ataca a uva. Um esclarecimento: todas as comparações se referem à análise dos genomas da linhagem 9a5c de *Xylella*, que ataca laranjas no interior paulista, e da cepa de *Xylella* presente nas videiras na região californiana de Temecula. A situação é tão grave em Temecula que a Universidade da Califórnia, em Riverside, importou uma espécie de vespa do México – a *Gonatocerus triguttatus*, inimiga natural da cigarra que transmite a bactéria para as uvas – para tentar conter a disseminação da doença de Pierce.

As duas *Xylellas* foram seqüenciadas por pesquisadores da Onsa, a rede virtual de laboratórios genômicos criada em São Paulo pela FAPESP. O deciframento do genoma da bactéria que causa o amarelinho, doença responsá-





FOTOS UNIVERSIDADE DA CALIFÓRNIA

função desses genes está relacionada com a patogenicidade ou virulência da bactéria.” De acordo com Civerolo, os genes que se mostrarem importantes para a ocorrência da infecção ou o desenvolvimento da doença de Pierce podem ser alvo de algum tipo de manipulação como tentativa de combater esse mal.

**Gene alvo** - Um desses genes candidatos a futuros estudos funcionais é o precursor da enzima poligalacturonase. A presença dessa proteína facilita a tarefa de degradar as paredes celulares da planta atacada por um patógeno. A doença de Pierce parece ser mais agressiva do que o amarelinho – e a explicação para essa diferença em termos de virulência pode, em parte, estar ligada à condição desse gene nas linhagens da bactéria que ataca a uva e a laranja. “Na *Xylella* dos citros, o gene aparece truncado, talvez não-funcional”, afirma Mariana Cabral de Oliveira, do IB/USP, que participou do trabalho de seqüenciamento de ambas as variedades. “Na videira, ele está intacto, integral.” O resultado da comparação foi tão animador que os pesquisadores do AEG resolveram checar a integralidade do gene da poligalacturonase em outras linhagens de *Xylella*. Examinaram linhagens de *Xylellas* que atacam o café e constataram que o gene se mostrava truncado, a exemplo do que acontece com a bactéria da laranja. Faz sentido pensar, portanto, que a maior produção da poligalacturonase seja um fator determinante da capacidade de agressão de certas cepas de *Xylella*. Obviamente, tudo isso ainda precisa ser comprovado por mais trabalhos.

Depois de decifrar o genoma do patógeno da doença de Pierce, os pesquisadores do AEG agora se dedicam a fechar e analisar o genoma de mais duas linhagens de *Xylella*, uma que ataca a planta ornamental conhecida como espiroleira e outra que infecta a amendoeira. Essas duas linhagens de bactéria foram parcialmente seqüenciadas nos Estados Unidos, mas a parte mais decisiva do trabalho será feita aqui. Orçado em US\$ 100 mil, o projeto é uma extensão do acordo firmado com o USDA. Ao final dessa nova etapa, haverá quatro linhagens de *Xylellas* totalmente seqüenciadas, todas com destacada participação de cientistas brasileiros. •

vel por prejuízos anuais da ordem de US\$ 100 milhões apenas entre os citricultores paulistas, veio a público nas páginas da edição de 13 de julho de 2000 da *Nature*, uma das revistas científicas internacionais mais importantes. Por ter sido o primeiro trabalho de seqüenciamento integral de um patógeno que ataca plantas, o artigo mereceu a capa da publicação.

**A**inda naquele ano, o sucesso dessa iniciativa pioneira rendeu aos participantes da Onsa um convite do Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA), equivalente ao Ministério da Agricultura, para seqüenciar a linhagem da *Xylella fastidiosa* que causa a doença de Pierce nas videiras da Califórnia, principal Estado produtor de vinhos naquele país, que já sofreu perdas da ordem de US\$ 30 milhões em razão da praga. Foi o resultado desse trabalho, orçado em US\$ 500 mil e financiado em partes iguais pelos

norte-americanos e FAPESP, que os cientistas paulistas publicaram agora no *Journal of Bacteriology*.

Mais do que simplesmente fornecer a seqüência de nucleotídeos (as unidades químicas) que compõe o genoma da bactéria da videira, o artigo da equipe da rede Agronomical and Environmental Genomes (AEG), uma sub-rede da Onsa, procura chamar a atenção para possíveis pistas genéticas que possam ser úteis para quem busca tratamentos para as doenças causadas pelas linhagens de *Xylella*. A cura da doença de Pierce (ou do amarelinho) ainda está longe, mas a comparação do material genético de seus patógenos já fornece dicas importantes para quem deseja perseguir esse objetivo. “Vários genes que provavelmente estão envolvidos na interação entre a *Xylella* e as videiras foram identificados”, diz Edwin Civerolo, do Serviço de Pesquisa Agrícola do USDA, que participou do trabalho com os pesquisadores paulistas. “Podemos agora verificar experimentalmente se a