

Brasil decodifica genoma de praga agrícola

Projeto deve beneficiar agricultor

da Reportagem Local

A idéia de sequenciar a *Xylella fastidiosa* partiu da própria indústria de citricultura, uma vez que a bactéria é responsável por danos em frutas como laranja, limão e tangerina. Segundo a Fundecitrus (Fundo Paulista de Defesa da Citricultura), a *Xylella* afeta cerca de 22% dos pomares, de acordo com dados de 98.

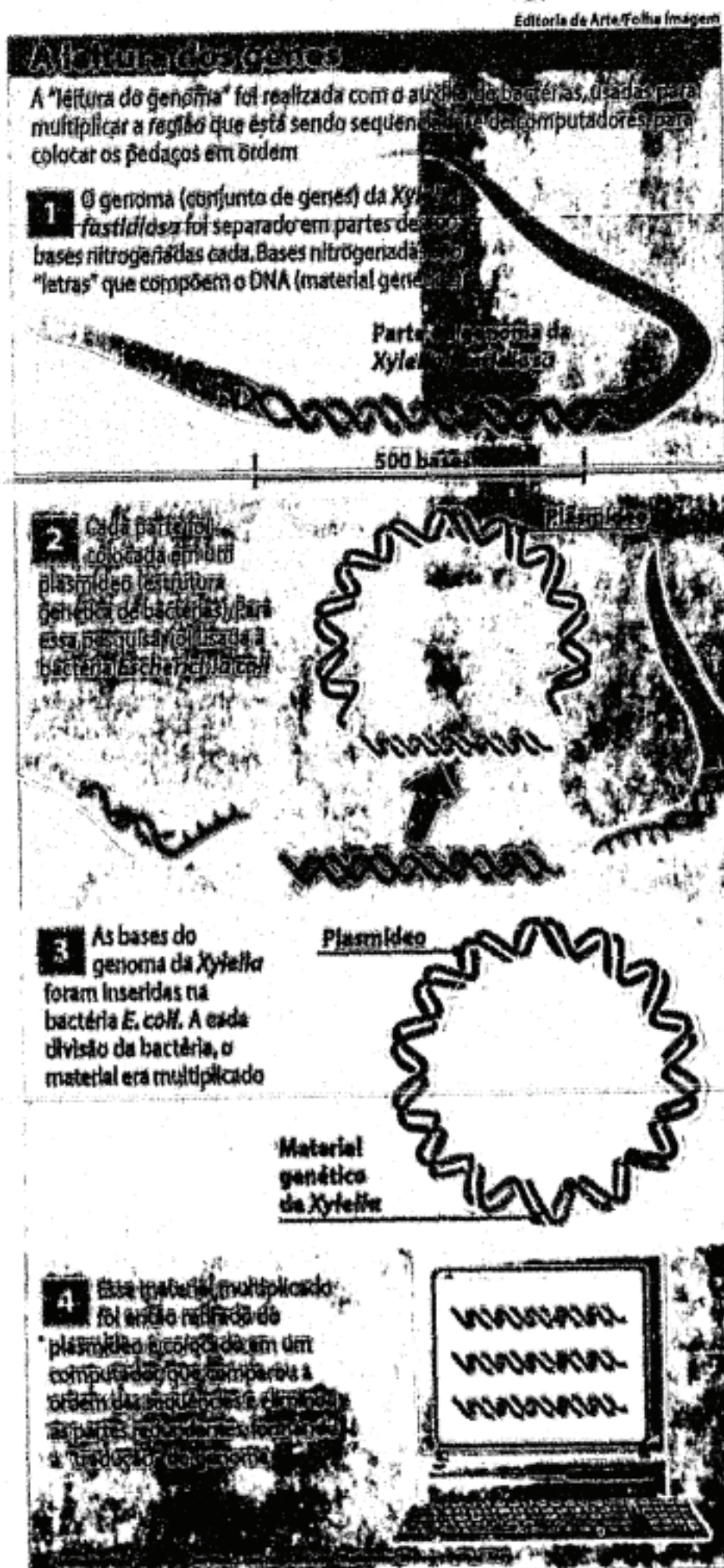
Em 97, o amarelinho danificou 34% dos pomares. A redução da incidência ocorreu devido a precauções tomadas pelos agricultores, que querem se manter na liderança mundial do mercado de laranjas.

O Estado de São Paulo e parte do triângulo mineiro são hoje os maiores produtores de laranja do mundo, responsáveis por cerca de 50% a 55% do total. Isso explica o interesse pela execução do projeto *Xylella*.

"Por isso, foi possível integrar pessoas do setor produtivo na área de pesquisa", diz Carlos Henrique de Brito Cruz, presidente da Fapesp.

O Brasil é hoje o único país que está sequenciando parasitas que atacam plantas.

"Estamos aprimorando nossa capacidade tecnológica e oferecendo conhecimento aos agricultores", diz Andrew Simpson, do projeto *Xylella*. "E estamos ajudando a resolver um problema brasileiro." (G5)



GABRIELA SCHEINBERG
da Reportagem Local

O Brasil está prestes a entrar para o seleto grupo de países capazes de sequenciar o genoma (grupo de genes) de um organismo vivo. A bactéria *Xylella fastidiosa*, que provoca o amarelinho, uma praga agrícola, está com o seu genoma praticamente completo —99,95% está pronto.

É a primeira vez no mundo que o genoma de um fitoparasita, bactéria que ataca plantas, é sequenciado. A *Xylella*, que causa o CVC (Clorose Variegada dos Citros) em laranjas, limões e tangerinas, doença chamada popularmente de amarelinho, é responsável por danos em cerca de 22% dos pomares de citros do Estado de São Paulo (leia texto ao lado).

A informação obtida com o projeto *Xylella* poderá ajudar os agricultores a encontrar uma forma de combater a praga. Segundo Andrew Simpson, coordenador do projeto, o genoma economizará o equivalente a uma década de pesquisas.

O genoma é composto por genes, que, por sua vez, são formados pela sequência das letras A (adenina), T (timina), C (citocina)

e G (guanina), chamadas de bases nitrogenadas.

Para sequenciar o genoma da *Xylella*, foi preciso colocar em ordem todas as letras. No total, foram 2,7 milhões de bases. Pode parecer muito, mas, na verdade, a *Xylella* é considerada uma bactéria pequena. O genoma humano possui cerca de 3 bilhões de bases.

Projeto pioneiro

Iniciado pela Fapesp (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo) em 1997, o projeto foi realizado por um consórcio de 34 laboratórios de São Paulo. O custo total, segundo a Fapesp, foi de US\$ 15 milhões.

"O projeto *Xylella* foi uma iniciativa pioneira e uma forma de trazer a tecnologia de sequenciamento para o Brasil. Conseguimos um resultado notável, antes mesmo do prazo previsto", diz Carlos Henrique de Brito Cruz, presidente da Fapesp.

O prazo inicial para a conclusão da *Xylella* estava previsto para daqui a seis meses. Mas os pesquisadores adiantaram o processo, apesar das dificuldades. "Começamos com um ritmo de urgência, que garantiu o término do processo antes do esperado", afir-

ma Simpson. Por isso, nem os imprevistos que apareceram durante o processo atrasaram o cronograma (leia texto abaixo).

Embora não esteja totalmente completo, Simpson já comemora a conclusão do projeto, cuja finalização deve ser anunciada em fevereiro. Segundo ele, dos genomas sequenciados até hoje, poucos estão 100% completos.

Com o projeto *Xylella*, foi criada também uma rede virtual —uma espécie de banco de dados com toda a informação obtida pelos centros — chamada Onsu (Organização para Sequenciamento e Análise de Nucleotídeos, na sigla em inglês).

Com a tecnologia obtida com a *Xylella*, a Fapesp iniciou também o projeto Genoma Cana-de-Açúcar e Genoma *Xanthomonas citri*, bactéria que provoca cancro cítrico em plantas. Mas o grupo responsável pelo projeto *Xylella* tem um futuro incerto. "Na minha opinião, devemos parar ou crescer", diz Simpson.

Cruz, presidente da Fapesp, está mais otimista. "Vamos continuar a usar a rede para realizar projetos de natureza mais sofisticada. Podemos até procurar parcerias internacionais", conclui.

Processo precisou ser refeito em 1999

da Reportagem Local

Os cientistas do projeto *Xylella* tiveram que reiniciar o sequenciamento depois de quase dois anos de pesquisa, devido a problemas na montagem desse "quebra-cabeça". "Mas, no fim, deu tudo certo", diz Andrew Simpson, coordenador do projeto.

O genoma da *Xylella fastidiosa* foi dividido em partes e cada uma foi enviada a um laboratório. A técnica tradicional de sequenciamento consiste na divisão do ge-

nome em partes de 500 bases.

"No entanto, os pesquisadores aprenderiam muito pouco, pois as partes eram pequenas", explica Simpson. Para favorecer o aprendizado, os centros receberam partes com 50 mil bases cada.

Para sequenciar as bases foi preciso, primeiro, multiplicá-las, processo realizado com o auxílio da bactéria *Escherichia coli*.

As bases foram inseridas em uma estrutura da *E. coli* chamada plasmídeo. No caso do Brasil, por usar 50 mil bases, foram usados

clonídeos, uma estrutura maior.

Após a multiplicação, as bases da *Xylella* foram lidas por um computador, que colocou a sequência em ordem (veja quadro).

O processo parecia estar indo bem. No entanto, quando os pesquisadores juntaram as peças, elas não encaixavam. Havia 14 espaços entre as peças. Simpson decidiu então recomençar o processo, usando partes de 500 bases em vez de 50 mil. Isso foi em maio de 99. Hoje, faltam apenas mil bases para ser encaixadas. (G5)