

Sequenciamento de Genoma para todos *

O bem-sucedido sequenciamento de um patógeno de planta por pesquisadores brasileiros é uma realização tanto política quanto científica

Há um equívoco comum de que somente nações avançadas e industrializadas têm o potencial e o pessoal qualificado necessários para realizar ciência de ponta eficaz. Essa concepção equivocada tem sido adotada pelos pesquisadores de países em desenvolvimento que acham necessário obter seu treinamento de pesquisa no exterior – e decidem não voltar, alegando a falta de oportunidade científica. Mas isso foi desmentido por um artigo publicado nesta edição que descreve o resultado de um projeto realizado por um consórcio de centros de pesquisa do Estado de São Paulo, no Brasil, para sequenciar a bactéria *Xylella fastidiosa*. Esta bactéria causa uma doença que afeta frutas cítricas e outras importantes culturas vegetais, resultando num prejuízo de muito milhões de dólares por ano.

Como primeira seqüência pública de um patógeno de planta de vida livre, o artigo representa um marco científico significativo. Mas também envia um claro sinal político, notadamente o desejo e a capacidade de países como o Brasil de jogar na grande liga. O projeto de sequenciamento foi escolhido deliberadamente pela sua principal agência financiadora, a FAPESP, para desempenhar um papel catalisador ajudando grupos de pesquisa a se prepararem eles mesmos para o desafio da era pós-genômica. Também se pretendeu enviar um sinal aos jovens cientistas do Brasil de que eles não precisam deixar o país para tomar parte da ciência de nível mundial. Em ambos os aspectos parece que houve sucesso.

*Editorial da Revista Nature , International Weekly Journal of Science, no.1792, de 13 de julho de 2000. A reportagem de capa inclui um editorial especial na revista “Citrus Pathogen Sequenced - The successful sequencing of a plant pathogen by Brazilian Researchers is a political as well as a scientific achievement” e colocou a ciência do Brasil em destaque nas manchetes internacional (<http://www.nature.com>).

Esse texto foi extraído da Publicação Mensal da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo – Encarte Especial de julho/2000.

É claro que o sequenciamento do genoma da bactéria é só primeiro passo no sentido do controle dos danos que ela causa. O próximo é aplicar a genômica funcional para entender como operam os genes da bactéria, abrindo caminhos para uma possível intervenção para restringir sua disseminação por insetos. Com isso, o conhecimento do genoma poderia fornecer a informação necessária para gerar variantes resistentes para as plantações afetadas. Isso levanta um outro conjunto de desafios – convencer o público brasileiro de que plantas transferências podem desempenhar um papel econômico importante e, ao mesmo tempo, dar passos firmes para evitar consequências sociais e ambientais indesejáveis.

Tecnicamente, muito disso de certa forma é coisa para o futuro. Mas o sucesso do projeto da *X. fastidiosa* já atraiu manifestações importantes de interesse por projeto semelhantes de outras áreas da comunidade agrícola – uma proposta que está na ordem do dia é a de que os mesmos centros de sequenciamento voltem sua atenção para as etiquetas de sequência expressa (ESTs) de frango. O sucesso também foi responsável pelo bem-vindo e relativamente incomum fenômeno de uma agência do mundo industrializado e avançado – neste caso, o Departamento de Agricultura dos EUA, preocupado com o impacto de uma variante da *X. fastidiosa* nos pomares de citros¹ da Califórnia – contratar pesquisa de um país em desenvolvimento. Esses dois feitos endossam a determinação do Brasil de entrar na idade pós-genômica de igual para igual com os cientistas de países mais ricos.

¹Na verdade, a variante da *X. fastidiosa* afeta as vinhas da Califórnia