

Agricultura

Culturas

Produtos agrícolas

Pecuária

Animais

Produtos veterinários

Links

Produtos / Serviços

Notícias / Informações

Guia de Mídia

Site

Home

Cadastro

Fale Conosco

Publicidade

Notícias / Informações**Notícias****17/1/2011 - Agricultura**

Pesquisa desenvolve método para identificar alvos que combatem o amarelinho causado pela Xylella (14/01/2011)

O sequenciamento do genoma da bactéria *Xylella fastidiosa* por cientistas brasileiros, há 10 anos, representou um avanço significativo para a ciência e contribuiu para o desenvolvimento da bioinformática no País. Em 2010, a Embrapa Informática Agropecuária (Campinas, SP), unidade da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, vinculada ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, desenvolveu um método para a identificação de potenciais alvos terapêuticos que servirão para desenhar fármacos contra a bactéria.

O pesquisador Goran Neshich, líder do Laboratório de Biologia Computacional (LBC), conta que um pedido de patente foi depositado no Instituto Nacional de Propriedade Industrial – INPI, em setembro do ano passado. A invenção refere-se à identificação de regiões específicas em uma proteína, identificada no genoma da *Xylella* como crucial para a patogenicidade da bactéria, para que esta proteína possa ser inativada ou ter sua atividade reduzida, diminuindo ou evitando assim o desenvolvimento da infecção bacteriana.

Ele explica que as principais fitopatogênias relacionadas à bactéria são a clorose variegada dos citrus (CVC ou amarelinho) e a doença de Pierce, que podem atacar os cultivares de citrus de uma forma geral e de videiras, respectivamente, além de outras doenças que afetam várias plantas de interesse econômico. Os prejuízos com a praga do amarelinho são estimados em US\$ 100 milhões anuais nas plantações brasileiras, afetando um terço dos pomares de laranja.

O LBC desenvolve uma plataforma computacional denominada BSS - Blue Star Sting, baseada em ferramentas livres, que tem o maior banco mundial de dados de descritores de estrutura de proteínas, sequência, função e estabilidade proteica. Os benefícios desta tecnologia são caracterizados em integração dos dados e ferramentas de análise e visualização das estruturas proteicas para uso em ensino acadêmico, pesquisa básica e aplicações em um amplo espectro de áreas como desenho de drogas, sistemas biológicos, determinação de novos alvos para fármacos etc.

O pedido depositado no INPI é de uma patente de invenção intitulada "Identificação de alvos terapêuticos para desenho computacional de drogas contra bactérias dotadas da proteína específica, fundamental para a patogenicidade de *Xylella fastidiosa*". O LBC pretende apresentar novos pedidos de patente em breve. Conforme a estagiária Izabela Pena Neshich, que desenvolve trabalhos no laboratório sob orientação do pesquisador José Gilberto Jardine, esses resultados indicam que, com o uso conjunto da bioinformática, da biologia computacional e da própria biologia, é possível prever fatores importantes e avançar na pesquisa agropecuária.

O Sting recebeu apoio da Fundação de Amparo à Pesquisa no Estado de São Paulo - Fapesp. A instituição investiu cerca de R\$ 1 milhão em recursos, em 2002, para a instalação do laboratório em Campinas, anteriormente chamado de Núcleo de Bioinformática. Atualmente, a Fapesp financia a pesquisa "Aplicação de técnicas de reconhecimento de padrões usando os descritores estruturais de proteínas da base de dados do software Sting para discriminação do sítio catalítico de enzimas", desenvolvida pelo LBC.

Nadir Rodrigues (MTb/SP 26.948)
 Embrapa Informática Agropecuária
 Contatos: (19) 3211-5747 – nadir@cnptia.embrapa.br

Agricultura

- » 27/1/2011 - Manejo
- » 26/1/2011 - Frutas
- » 25/1/2011 - Não espier a sua fazenda
- » 24/1/2011 - Café
- » 24/1/2011 - Agricultura
- » 20/1/2011 - Embrapa
- » 19/1/2011 - Agricultura
- » 18/1/2011 - Agricultura
- » 17/1/2011 - Agricultura
- » 17/1/2011 - Agricultura