



Notícias

Cultura

Diversão

Economia

Esportes

Informática

Mundo

Olimpíadas

Política

NOTÍCIAS

Informática - 16/01/2011

Pesquisa desenvolve método para identificar alvos que combatem o amarelinho causado pela Xylella.

A-

A+



PUBLICIDADE

Pesquisar

OK

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 fitopatogenias 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,