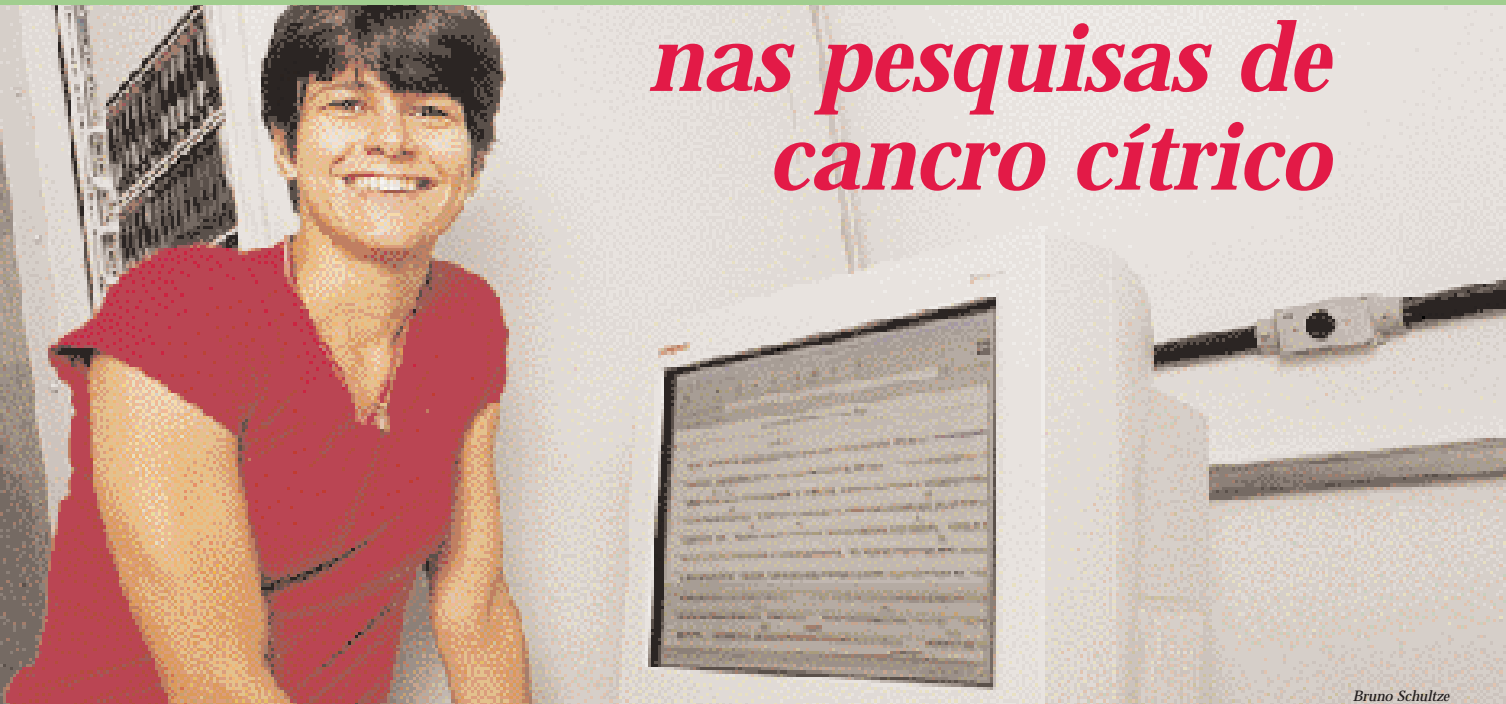


Computação de alto desempenho

nas pesquisas de cancro cítrico



Bruno Schultze

Ana Claudia Rasera da Silva, Professora-doutora do Instituto de Química da USP e uma das coordenadoras do Projeto Xanthomonas

*Projeto Xanthomonas
utiliza servidores
AlphaServer desde o
início das pesquisas*

8

No Brasil e em todo o mundo, a *Xanthomonas axonopodis pv citri* ataca plantas cítricas, sendo responsável por prejuízos anuais calculados em dezenas de milhões de dólares. Causadora da doença conhecida como cancro cítrico, essa bactéria terá seu genoma totalmente decodificado por 14 laboratórios do estado de São Paulo, que em outubro de 1999 iniciaram mais uma importante pesquisa biotecnológica – o Projeto Xanthomonas. Uma vez mais, o desempenho e a confiabilidade dos servidores AlphaServer – aliados à eficiência dos serviços profissionais Compaq – são decisivos para o sucesso dessa pesquisa.

Em abril de 2000, a fase de estruturação foi finalizada – o genoma da *Xanthomonas* já estava organizado. “Por meios mecânicos, o DNA é quebrado, lido e são reunidas as seqüências formando regiões contíguas; posteriormente são removidas as repetições e o esqueleto do genoma é montado. Após a montagem, há 5 milhões de caracteres cujo significado precisa ser descoberto. É preciso encontrar os genes nelas contidos e distinguir suas funções – um trabalho realizado inteiramente por computador”, explica Ana Claudia Rasera da Silva, Professora-doutora do Instituto de Química da USP e uma das coordenadoras do Projeto Xanthomonas. As hipóteses de cura ou prevenção, no entanto, virão em mais de 10 anos.

“A computação é essencial para nossas pesquisas. Precisamos de máquinas confiáveis e com excelente desempenho. Os servidores AlphaServer são muito robustos e raramente apresentam problemas”

Ana Claudia Rasera da Silva,
Professora-doutora do Instituto de Química da USP
e Coordenadora do Projeto Xanthomonas

Origem

Em 1998, a Fapesp – Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo, com o objetivo de avançar o conhecimento básico do país na área de biotecnologia, reuniu 32 grupos de pesquisa em torno do projeto de decodificação do genoma de um pequeno organismo – a *Xylella Fastidiosa*, responsável pela praga conhecida como “amarelinho”. Nascia, assim, o programa Onsa – Organization for Nucleotide Sequencing and Analysis.

Apesar das dificuldades – dos 32 grupos, 17 tinham experiência em seqüenciamento e os outros somente trabalhavam com biologia –, todos foram bem-sucedidos em suas pesquisas e, em 2000, a decodificação estava completa.

A conclusão do seqüenciamento do primeiro genoma de um organismo responsável por doenças vegetais teve grande repercussão internacional, tendo sido capa da revista “Nature”. Além da importância científica, há também o impacto econômico: a médio prazo pretende-se descobrir mecanismos para o controle do “amarelinho”, que atinge as laranjeiras. Atualmente, estuda-se a biologia da bactéria para a descoberta da cura – a chamada fase funcional.

Devido ao sucesso da primeira fase do projeto, o programa Onsa desenvolveu uma nova fase de pesquisas, da qual faz parte, por exemplo, o Projeto Xanthomonas e o Projeto Genoma Humano do Câncer, primeira iniciativa na área do seqüenciamento do genoma humano.

Bioinformática

Assim como no Projeto Genoma Humano do Câncer, o Projeto Xanthomonas utiliza servidores AlphaServer desde o início das pesquisas, bem como os serviços de configuração necessários para adaptar esses equipamentos às aplicações biotecnológicas. Atualmente, servidores AlphaServer ES40 substituem a linha AlphaServer DS20 anteriormente utilizada.

