Processo 2004/09772-7
Vigência: 1/4/2005 a 31/5/2008

Os Prochilodontidae são considerados peixes de grande importância na pesca artesanal do Brasil, apresentando posição de destaque na produção pesqueira do país. Os peixes representam o grupo mais diverso dentre os vertebrados, com uma ampla variedade de diferenças morfológicas, comportamentais e fisiológicas. Recentes avanços na biologia molecular têm contribuído de maneira bastante significativa na caracterização dos genomas de uma maneira geral. Estudos genômicos em peixes podem possibilitar um melhor entendimento da enorme diversidade, facilitando análises mais detalhadas dos padrões de segregação mendeliana de segmentos cromossômicos ou ocorrência de rearranjos cromossômicos e uma melhor compreensão da evolução dos genomas. No entanto, poucos são os estudos realizados nesse sentido em peixes neotropicais. Assim, o presente trabalho visa, em um primeiro momento, construir os mapas físico e genético de *Prochilodus argenteus*, uma espécie endêmica da bacia do rio São Francisco. Para isso, será realizada a identificação dos grupos de ligação utilizando marcadores microssatélites e Rapd (polimorfismo de DNA amplificado ao acaso). Os mapas genéticos serão construídos usando basicamente os *softwares* GQMOL e Mapmaker/EXP, visando à implantação de diferentes análises no laboratório. Subsequentemente, alguns marcadores serão selecionados para localização física nos cromossomos, por meio da técnica de Fish (hibridização *in situ* fluorescente). Dessa forma, os resultados do presente projeto poderão subsidiar estudos de identificação de genes de interesse econômico. Além disso, serão disponibilizados marcadores-análises da diversidade genética nesse grupo de peixes de grande destaque na piscicultura e pesca artesanal do país.

228 Caracterização funcional de proteínas hipotéticas de bactérias fitopatogênicas

Henrique Ferreira
Instituto de Biociências de Rio Claro
Universidade Estadual Paulista (Unesp)
Processo 2004/09173-6
Vigência: 1/1/2006 a 31/12/2009

A proposta do presente projeto é o desenvolvimento e a otimização de métodos para se caracterizar funcionalmente proteínas hipotéticas conservadas de *Xylella fastidiosa* 9a5c (Xf-CVC), bem como determinar se existe algum tipo de envolvimento desses produtos com patogenicidade. Inicialmente, 34 ORFs serão selecionadas para a caracterização por meio de ensaios de duplo-híbrido em bactérias e/ou leveduras, nos quais se espera obter os primeiros indícios de função por meio da análise de suas possíveis interações *in vivo* com outras proteínas de função já conhecida. Paralelamente, pretende-se clonar e expressar essas ORFs para estudos estruturais e bioquímicos. Por último, este projeto prevê a otimização de métodos de transformação e seleção de transformantes de Xf-CVC, sem a necessidade de crescimento celular, utilizando-se técnicas de microscopia de fluorescência. Tais estudos possibilitarão o desenvolvimento de estratégias para caracterizações genéticas futuras de Xf-CVC, bem como servirão de ponto de partida para estudos de marcação e visualização de moléculas (DNA e proteínas) *in situ*.

229 Biodiversidade, genômica comparativa e evolução na família Vibrionaceae (bactéria)

Fabiano Lopes Thompson
Centro Pluridisciplinar de Pesquisas Químicas, Biológicas e Agrícolas (CPQBA)
Universidade Estadual de Campinas (Unicamp)
Processo 2004/00814-9
Vigência: 1/11/2004 a 31/5/2006

Este projeto integra áreas de pesquisa multidisciplinares, relacionadas à pesquisa em genômica comparativa, biologia básica, evolução e filogenia de microrganismos. Esses temas serão de importância estratégica para o melhor conhecimento da biodiversidade microbiana brasileira e desenvolvimento tecnológico, possibilitando o estabelecimento de novas abordagens para caracterização de diversidade e sistemática bacteriana. A pesquisa será desenvolvida em quatro anos. A primeira etapa enfocará a genômica comparativa de víbrios e espécies relacionadas. O objetivo desta análise é ampliar o conhecimento sobre as relações evolutivas entre as diversas espécies de víbrios, utilizando para tal uma estratégia inovadora de estudo, que consiste na determinação de um conjunto de genes homólogos, identificados por meio de análises de genômica comparativa de dados de projetos de sequenciamento de genomas bacterianos disponíveis para acesso público e avaliação do potencial desses marcadores como ferramentas de identificação e classificação de um esquema de Multi Locus Sequence Typing (MLST; Maiden *et al.*, 1998; La Scola *et al.*, 2003). Uma vez selecionado um conjunto de genes de interesse, será feito o desenho de *primers* para PCR e subsequente análise destes *loci* (7 ou mais genes) em uma coleção de aproximadamente 200 linhagens de referência de víbrios (família Vibrionaceae) e representantes de espécies relacionadas, isto é, Enterobacteriaceae, Photobacteriaceae e Salinivibrionaceae (Thompson, 2003). A aplicação e a validação do esquema proposto para caracterização da biodiversidade de víbrios serão realizadas por meio da análise complementar de um grande número de isolados ambientais de diferentes origens geográficas, incluindo isolados brasileiros de diferentes *habitats* marinhos, principalmente