



MONTAGEM DO GENOMA DA *Xanthomonas axonopodis pv. citri*

Alexandre Corrêa Barbosa (Bolsista FAPESP) e Prof. Dr. João Carlos Setubal (Orientador), Instituto de Computação - IC, UNICAMP

No projeto de seqüenciamento da *Xanthomonas axonopodis pv. citri* foram seqüenciadas cerca de duzentos mil "reads". Estes reads correspondem às pontas de cerca de sete mil cosmídeos (clones de tamanho entre 30000 e 50000 bp) independentes, e os "reads" restantes correspondem às pontas de plasmídeos (clones de tamanho entre 1000 e 5000 bp). Estes "reads" foram utilizados na montagem do genoma, resultando na formação de vários "contigs". O objetivo deste trabalho foi ordenar tais "contigs" a partir das pontas de cosmídeos em um mapa físico, identificar o número de "gaps" restantes na montagem, e então obter um conjunto mínimo de cosmídeos a serem seqüenciados de maneira a cobrir os "gaps", e assim obter-se a seqüência total do genoma da *Xanthomonas axonopodis pv. citri*. Para tanto, procedeu-se o aperfeiçoamento de um software desenvolvido pelo orientador em conjunto com o ex-aluno de Iniciação Científica, Renato Werneck, denominado "genscaff", que obtém a melhor maneira pela qual os "contigs" estão ordenados, através da implementação de um modelo computacional de grafos. Com o aperfeiçoamento de tal software, passou-se então à determinação dos cosmídeos que deveriam ser seqüenciados para o fechamento do genoma, que acabou se mostrando essencial para a finalização do projeto.

Projeto Genoma - Bioinformática - Montagem de DNA