



MAPA 2D DE REFERÊNCIA DAS PROTEÍNAS BÁSICAS DA *Xylella fastidiosa*

Carlos Eduardo Santoro Pedroso Filho (Bolsista FAPESP) e Prof. Dr. José Camillo Novello (Orientador), Instituto de Biologia - IB, UNICAMP

Proteoma é o conjunto das proteínas expressas por um organismo, ou tecido. Na era pós genômica, o estudo de proteomas possibilita a identificação de proteínas envolvidas em processos específicos, para assim estabelecer alvos moleculares importantes. Para este estudo é usada a técnica de eletroforese 2D. Esta técnica permite que se separe proteínas de duas formas distintas: pelo seu pI (ponto isoelétrico) em uma fita de gradiente de pH, em seguida pelo seu tamanho, em um gel de poliacrilamida. Depois de corado este gel apresenta vários pontos, que representam cada um, teoricamente uma proteína. As proteínas básicas são importantes no estudo do Proteoma, mas para a construção do mapa 2D dessas proteínas, é necessário uma série de otimizações metodológicas. Desta forma, este trabalho visa a construção de um mapa 2D de referência de proteínas básicas da bactéria *Xylella fastidiosa*, causadora da CVC (doença que causa sérios prejuízos para a citricultura). Foram desenvolvidos mapas com diferentes protocolos visando a melhor resolução possível para as proteínas básicas, onde como resultado final apresenta-se no melhor mapa entre os protocolos testados 245 novos "spots" detectados que ampliam a gama de proteínas expressas pela bactéria representadas em mapas 2D, além de propiciar o estudo de possíveis alvos moleculares importantes no processo patogênico da bactéria.

Proteoma - Proteínas Básicas - *Xylella fastidiosa*