



ANÁLISE DO PROTEOMA DA *Xylella fastidiosa* UTILIZANDO MAPAS 2D DE FAIXAS ESTREITAS DE pH

Winck, F.V.(Bolsista FAPESP); Smolka, M.B.; Santoro, C.E.; Martins, D.; Marangoni, S.; Novello, J.C. (Orientador), Instituto de Biologia - IB, UNICAMP

Proteoma é a análise global das proteínas expressas por um organismo ou tecido. O projeto Proteoma busca a identificação do maior número de proteínas possível através da tecnologia de Eletroforese Bidimensional (2D), onde as proteínas são separadas de acordo com seu ponto isoelétrico (pI) e de acordo com seu peso molecular (Mw), gerando um perfil de pontos. No mapa 2D de referência com gradiente de pH de 3 a 10, foram detectadas 816 proteínas ou "spots" (disponível no site www.proteome.ibi.unicamp.br). Devido às limitações decorrentes da escala de separação por pI e máxima quantidade de proteína possível de ser aplicada no gel pH 3 a 10, foram feitos géis de faixas estreitas de gradiente de pH 4.5 a 5.5, 5.5 a 6.7 e 4 a 7. A otimização dos géis foi feita testando-se diferentes concentrações de anfólitos no tampão de amostra, aumento da quantidade de proteína aplicada e tempo/voltagem da corrida de isoeletrofocalização. Os resultados mostraram um aumento do número de proteínas não visualizadas anteriormente na mesma região de pH do mapa de referência e possibilidade de aplicação de maior quantidade de proteína (~1mg), o que é muito útil para realização de sequenciamento N-terminal.

Proteoma - Eletroforese Bidimensional (2D) - *Xylella fastidiosa*