

PARECER SOBRE O GRUPO 1

Análise populacional e evolutiva em duas espécies de *Acianthera* (Orchidaceae)

Autores: André Miranda Cadete, Diego Soares Lara, Guilherme Gusmão Silva, Luiz Guilherme Zenóbio Alípio e Pedro Paulo Goulart Taucce

O grupo se propôs a analisar molecularmente cinco populações de *Acianthera prolifera* e a única existente de *Acianthera fornograndensis* com enfoque em possivelmente sinonimizar as espécies e traçar o caminho evolutivo referente a estas populações.

O presente trabalho mostra-se de relativa facilidade de execução, abordando técnicas de biologia molecular de fácil manuseio. Uma dificuldade que poderia ser abordada na execução deste trabalho é a necessidade de viagens para fora do país em prol das coletas. Foi proposto, entretanto, pelo grupo, uma parceria com universidades nos locais de coleta, o que seria enriquecedor para o trabalho. Em relação ao projeto em si, percebe-se que as técnicas escolhidas são de grande valia para se atingir o objetivo proposto. Um problema que pode ser discutido é a escolha de apenas três iniciadores para a diferenciação das plantas. Estudos recentes mostram o uso dos genes de todo o plastídeo para fazer este tipo de diferenciação.

O grupo foi pertinente em escolher o BLASTn para comparar as seqüências gênicas das plantas em estudo, uma vez que tal programa é de fácil uso e bem confiável. A escolha da comparação entre seqüências de nucleotídios é bastante consistente com o objetivo do grupo de estudar a relação filogenética entre as plantas. A utilização de seqüências de aminoácidos não seria aconselhável, nesse caso, uma vez que essas seqüências se encontram bastante conservadas, dificultando inferir sobre as relação filogenéticas. A parcela mais complicada do projeto provavelmente será a montagem da relação evolutiva entre as plantas estudadas. O grupo deixou em falta o mecanismo pelo qual tal estudo seria realizado, o que se configura como uma falta de planejamento. Em suma, o projeto se mostra viável e possível de ser realizado, apesar das dificuldades aqui apontadas.

PARECER SOBRE O GRUPO 2

Análise da influência da temperatura na expressão gênica do receptor CD11b em neutrófilos

Autores: Braulio Henrique, Diego Oliveira, Fabio Vigil, Paulo Bittencourt, Pedro Elias e Samuel Loureiro

O grupo se propôs a analisar a influência da temperatura na expressão gênica do receptor CD11b em neutrófilos e mais especificamente verificar em qual etapa da expressão do receptor de membrana CD11b em neutrófilo há a regulação pela temperatura.

O presente trabalho apresentou algumas falhas que devem ser abordadas. Em primeiro lugar, os objetivos específicos não contemplaram a cultura de neutrófilos. Não ficou claro como tal técnica será realizada, além de não haver qualquer referência a respeito desta no decorrer da introdução da apresentação. Outro equívoco cometido pelo grupo foi a inclusão da técnica de micro arranjo, nos objetivos específicos, para estudar a expressão gênica total celular em temperatura febril. Isto foge ao objetivo geral, que pretende avaliar a expressão de CD11b. Não fica subentendido no objetivo geral que o estudo gênico total será realizado. No entanto, o grupo foi feliz nas outras técnicas a serem utilizadas, bem como no estabelecimento do cronograma.

Pode-se considerar que apesar das falhas cometidas, o projeto tem plena capacidade de ser executado e possivelmente alcançar os resultados esperados.

PARECER SOBRE O GRUPO 4

Utilização de marcadores moleculares na detecção do potencial de toxicidade e na análise filogenética de *Microcystis aeruginosa*

Autores: Ana Raquel Oliveira Santos, Débora Chaves Moraes, Iara Christina de Campos, Luciana Leite Fraga, Natália Lourenço, Almeida Raquel Maria Alves Cordeiro dos Santos

Partindo da análise dos problemas da lagoa da Pampulha oriundos do alto nível de eutrofização. O grupo se propôs a aplicar técnicas de biologia molecular para a detectar cepas de cianobactérias da espécie *Microcystis aeruginosa* potencialmente tóxicas a partir da identificação do gene *mcyB* e realizar uma análise filogeográfica dessas cepas. A partir da análise filogeográfica, identificar o(s) tributário(s) que carregam as cepas tóxicas encontradas na Lagoa da Pampulha.

O presente trabalho mostra-se de relativa facilidade de execução, abordando técnicas de biologia molecular de fácil manuseio, como PCR. Além, disso, os custos do trabalho serão relativamente baixos. A única dificuldade que pode ser encontrada pelo grupo é no isolamento de colônias de *Microcystis novacekii* por micropipetagem em microscópio invertido, que exige prática para a identificação morfológica dessa espécie.

O grupo pretende detectar essas cepas através da amplificação do gene *mcyB*. Porém, vale ressaltar que a presença do gene não significa que elas estarão expressando. Seria interessante que o grupo acrescentasse um ensaio de toxicidade para essas cepas para confirmar se elas são realmente tóxicas. Essa observação não invalida o objetivo do grupo que se propôs a de detectar apenas as cianobactérias potencialmente tóxicas. Em suma, o projeto se mostra viável e de fácil realização.

PARECER SOBRE O GRUPO 5

Estudo evolutivo do gene codificador da Mioglobina em gastrópodes límnicos (Pulmonata: Basommatophora)

Autores: Daniel Coscarelli, Filipe Freitas Chaves, Gabriel Fráguas, Juan Macedo, Paula Laper e Rafael Campos

O grupo se propôs a analisar a evolução do gene codificador da Mioglobina nos gastrópodes basomatóforos através da análise de sequências homologas e posicionamento dos Introns e utilizar se possível os dados obtidos para uso em filogenia.

O grupo justificou bem a necessidade de conclusão do projeto visto os problemas atuais existentes na classificação das classes de moluscos, os materiais e metodologias sugeridos são muito pertinentes e possivelmente atingirão êxito na conclusão do projeto.

PARECER SOBRE O GRUPO 6

Comparação das isoformas presentes no veneno das espécies de *Loxosceles sp.*

Autores: Ana Cláudia, Guilherme Henrique, Marcus Thadeu, Marina Lamas, Rafael Lucas e Rafael Ferrari

Devido ao crescente número de acidentes provocados pelas aranhas do gênero *Loxosceles*, principalmente em áreas domiciliares nas regiões sul e sudeste e devido a alta ação necrosante do seu veneno o grupo julgou importante seu estudo. Sabendo que já é identificada a seqüência do cDNA codificante para proteínas necrosantes do soro da espécie *Loxosceles intermedia*, mas há a ausência de estudos para as outras espécies também causadoras de acidentes no Brasil, o grupo se propôs a realizar um estudo comparativo entre as isoformas protéicas presentes no veneno de quatro espécies do gênero *Loxosceles*.

Para tal, o grupo pretende construir uma biblioteca de cDNA da glândula de veneno das espécies *L. laeta*, *L. similis*, *L. gaucha*, cujas seqüências de cDNA ainda não foram registradas no banco de dados. Seqüenciar as isoformas presentes no veneno de cada

espécie, selecionar as proteínas mais imunoreativas para uma análise posterior e apontar as isoformas mais conservadas entre as espécies através de softwares de bioinformática.

O presente trabalho mostra-se viável de ser realizado, as técnicas de biologia molecular aplicadas são relativamente simples e pouco trabalhosas. A produção de soro utilizando animais é uma alternativa de baixo custo, porém há uma certa dificuldade de manutenção desses animais. Além disso, o grupo não especificou se as doses de veneno aplicadas no coelho, animal de pequeno porte, não será letal para o animal. A escolha do plasmídeo com o sítio de clonagem entre o gene da B-galactosidase facilitará bastante o trabalho do grupo para a seleção apenas das bactérias que receberam a inserção. As técnicas escolhidas são de grande valia para atingir o objetivo proposto pelo grupo.

O grupo foi pertinente em escolher a sequência de aminoácidos para verificar homologia entre as proteínas das espécies estudadas, pois as proteínas são mais conservadas que a sequência de nucleotídeos que as codifica. Em suma, o projeto se mostra viável e possível de ser realizado e a metodologia adequada aos objetivos propostos.

PARECER SOBRE O GRUPO 7

Silenciamento dos genes *ldh* e *ack* de *Clostridium thermocellum* e *Clostridium thermosaccharolyticum* afim de aumentar a eficiência de produção de Etanol

Autores: Barbara Muniz, Clarissa Bastos, Érica Molfetti, Guilherme Augusto, Marcos Hanashiro, Mariana Pereira e Nara Pádua

O grupo as propôs a silenciar os genes *ldh* (responsável pela produção da enzima lactato desidrogenase) e *ack* (responsável pela produção da enzima acetato quinase) de *Clostridium thermocellum* e *Clostridium thermosaccharolyticum* a fim de se aumentar a quantidade de produtos que serão utilizados na via de produção do etanol e conseqüentemente aumentando a produção final de álcool para uso como combustível. Além disso, pretendem também testar a produção de etanol, posteriormente de se gerar mutantes de *C. thermosaccharolyticum* para a produção de acetato kinase através de tratamento com nitrosoguanidina, de se identificar o gene responsável pela produção da enzima lactato

deshidrogenase em *C. thermosaccharolyticum*, de se construir vetores knockout para os genes ack e ldh de *C.thermocellum* e ldh de *C.thermosaccharolyticum* e de, finalmente, se inserir o vetor knockout nas bactérias *C.thermocellum* e *C. thermosaccharolyticum*.

O projeto aborda uma área importante da economia mundial e brasileira, a geração de combustível. Sendo assim, sua realização é pertinente pois o mundo está numa crise energética e precisa de novas fontes e que as mesmas sejam as mais lucrativas e menos poluentes possível. Entretanto, a identificação do gene candidato de produção de ldl em *C. thermosaccharolyticum* pode requerer mais tempo que o desejado e a utilização da técnica de PCR para identificação dos recombinantes de interesse é mais específica, eficaz e rápida do que o uso do Southern Blot. Apesar do problemas apontados o projeto mostrou-se viável, porém, relativamente trabalhoso.