

Designação do projeto | **Evolução Bacteriana para além dos Isolados em Cultura – Xanthomonas arboricola pv. juglandis como paradigma**

Código do projeto | **POCI-01-0145-FEDER-016600 (PTDC/BIA-EVF/3635/2014)**

Objetivo principal | **Reforçar a investigação, o desenvolvimento tecnológico e a inovação**

Região de intervenção | **Norte**

Entidades beneficiárias | **ICETA/UP e InescTec**

Data de aprovação | 04-04-2016

Data de início | 15-06-2016

Data de conclusão | 15-06-2020

Custo total elegível | 138.213,00€

Apoio financeiro da União Europeia | FEDER: 117.481,05€

Apoio financeiro público nacional/regional | 20.731,95€

Objectivos:

A evolução de bactérias tem sido amplamente estudada na última década, beneficiando da enorme quantidade de sequências genómicas obtidas através de plataformas NGS e de dedicadas análises bioinformáticas. Independentemente do facto de as populações bacterianas terem, em geral, uma estrutura clonal devido ao seu ciclo de vida assexuado, é desde há muito conhecido que, além de mutações, os procariontes possuem engenhosos mecanismos de variabilidade genética, como por exemplo a transferência horizontal de genes, plasmídeos, ilhas genómicas, sequências de inserção (IS), transposões (TN), entre outros.

Todos estes mecanismos são importantes para favorecerem um consórcio de sub-populações, entre as quais podem surgir algumas com uma maior aptidão do que a população parental, quando expostas a novos nichos. Os reduzidos tempos de duplicação das bactérias, permitirão então garantir que a subpopulação bem-sucedida irá colonizar rapidamente esse novo nicho, e esse genótipo torna-se dominante. Entramos na era pós genómica, onde a quantidade incomensurável de informação genómica é cuidadosamente escrutinada do ponto de vista funcional e evolutivo, utilizando recursos bioinformáticos inovadores e métodos moleculares adequados. Embora as principais ocorrências genómicas que moldam a evolução estejam bem caracterizadas para inúmeras espécies de bactérias, não existe ainda uma compreensão abrangente dos mecanismos de especiação em bactérias.

Acreditamos que as principais razões para esta falha são, em primeiro lugar, porque esses estudos evolutivos têm sido fortemente enviesados para bactérias isoladas em cultura, subestimando a diversidade da população bacteriana que é uma característica essencial para as espécies evoluírem; e em segundo lugar, porque os estudos evolutivos têm sido centrados numa pequena fração do genoma bacteriano, assumindo que as filogenias de genes individuais, em particular dos genes 16S rRNA e dos chamados genes "housekeeping", reproduziriam com fidelidade a filogenia dos organismos, negligenciando, por exemplo, o papel da transferência horizontal de genes na evolução dos procariontes.

A presente proposta tem por objectivo resolver estas questões ao mesmo tempo que tenta desvendar a evolução de *Xanthomonas arboricola* pv. *juglandis* (Xaj) para além dos isolados disponíveis em cultura, determinando a diversidade e aptidão das populações de Xaj a partir de amostras de plantas infectadas, utilizando marcadores moleculares específicos para a espécie e com resolução para genotipagem. *Xanthomonas* pv. *arboricola*. *juglandis* é o agente etiológico da bacteriose da noqueira (*Juglandis regia* L.), tendo sido recentemente associada a outras sintomatologias como a necrose apical dos frutos e o exsudado dos troncos, afectando severamente a produção mundial de nozes.

Independentemente dos esforços de investigação realizados no passado recente, atualmente existe um fraco conhecimento da biologia de Xaj, incluindo a sua diversidade, estrutura da população, e aptidão ao hospedeiro e ao ambiente. Nestes últimos anos, o nosso grupo de investigação tem trabalhado na selecção e validação de marcadores moleculares específicos para várias bactérias, e que permitem conciliar a detecção da bactéria com a resolução clonal da genotipagem, devido à sua variação alélica. Embora estes marcadores têm sido usados principalmente para o diagnóstico, a sua utilidade para aceder às bactérias directamente em amostras ambientais, i.e. nos ecossistemas, pode contribuir para estudos evolutivos mais abrangentes e fidedignos. Estudar a evolução de Xaj para além dos isolados