



Centre
franco-brésilien
de
Documentation
Technique
et
sCientifique

cendotec@nvcnet.com.br

<http://www.cendotec.com.br/>

Av. Paulista, 1842
14° Andar
Cetenco Plaza Torre Norte
01310-200 São Paulo
SP Brasil

Tel
55(0)11 - 284-5128
284-1839
284-8114

Fax
55(0)11 - 284-3417

Synthèse :
[Serge Costa](#)

Responsable de la publication :
[Luc Quoniam](#)



Programmes de Recherche Génétique de l'état de São Paulo

Introduction

Le projet génome de la Xylella fastidiosa

Organisation générale du Projet Génome Xylella et le Réseau ONSA

Formation du Programme Génome au Brésil

Programme Génome

Projet Génome du Cancer FAPESP-LICR

Projet Génome de la bactérie *Xanthomonas axonopodis* pv *citri*

Projet Génome de la Canne à Sucre (SUCEST)

La FAPESP et la recherche scientifique dans l'état de São Paulo

Fundecitrus

Copersucar

Le Brésil et la phase post-génome

Autres programmes

Programme Génomes des Environnements Naturels et Agronomiques

Programme Centres de Recherche, Innovation et Diffusion (Cepids)

Centre de Biologie Molleculaire Structurale (CBME)

Centre d'Études du Génome Humain (CEGH)

Laboratoire National de Rayonnement Synchrotron (LNLS)

Plantes transgéniques et Biosécurité

Fondation Oswaldo Cruz et le Génome Tripanosoma Cruzi

Glossaire

Introduction

Ce document présente une synthèse des principaux projets de recherche dans le domaine de la génétique développés au Brésil et spécialement dans l'état de São Paulo. Il propose un panorama du Programme Génome Brésilien, en grande partie financé par la [FAPESP](#) (Fondation d'Aide à la Recherche de l'État de São Paulo), qui a visé à séquencer le génome du phytopathogène *Xylella fastidiosa* qui attaque l'orange, un des principaux produits de l'exportation brésilienne. Par la suite, seront abordés les projets en cours et les futurs projets qui seront développés par des groupes de recherche, laboratoires, universités et organismes gouvernementaux liés au domaine de la génétique au Brésil.

Cette étude ne traite que de l'état de São Paulo car il s'agit de la région du Brésil la plus active dans le domaine de la recherche. Pour illustrer ce propos, vous trouverez (page suivante) un tableau présentant le nombre de chercheurs, de groupes de recherche, d'étudiants dans chaque état du Brésil. Ce tableau a été réalisé à l'aide de la [Plateforme Lattes du CNPq](#) (Conseil National de Développement Scientifique et Technologique). Une description de cette Plateforme est disponible dans le [BE n°8 du CenDoTeC](#) (janvier 2001).

En cas de besoin, le CenDoTeC est prêt à compléter cette étude, en décrivant les recherche en génétique des principales institutions des autres états.

Région	Groupes de recherche (G)	Chercheurs (C)	Etudiants (E)	Techniciens	Lignes de recherche (L)	L/G	C/G	E/G	C/L
Amazonas	3	23	8	5	13	4.3	7.7	2.7	1.8
Bahia	4	21	33	7	19	4.8	5.3	8.3	1.1
Distrito Federal	7	68	70	14	37	5.3	9.7	10.0	1.8
Goiás	1	6	12	4	5	5.0	6.0	12.0	1.2
Maranhão	1	5	11	1	7	7.0	5.0	11.0	0.7
Minas Gerais	15	60	120	17	49	3.3	4.0	8.0	1.2
Paraná	18	94	108	23	50	2.8	5.2	6.0	1.9
Paraíba	3	30	25	8	11	3.7	10.0	8.3	2.7
Pará	8	30	92	21	22	2.8	3.8	11.5	1.4
Pernambuco	7	42	45	8	24	3.4	6.0	6.4	1.8
Rio Grande do Norte	2	6	18	0	5	2.5	3.0	9.0	1.2
Rio Grande do Sul	25	118	240	35	88	3.5	4.7	9.6	1.3
Rio de Janeiro	25	97	161	50	100	4.0	3.9	6.4	1.0
Santa Catarina	3	6	8	0	5	1.7	2.0	2.7	1.2
São Paulo	66	253	389	126	206	3.1	3.8	5.9	1.2
Tocantins	1	3	3	2	1	1.0	3.0	3.0	3.0

Le projet génome de la *Xylella fastidiosa*

La Fondation d'Aide à la Recherche de l'État de São Paulo ([FAPESP](#)) a créé en 1997 un consortium national dans l'état de São Paulo, afin de trouver la séquence complète du génome de la bactérie [Xylella fastidiosa](#), responsable de la maladie des agrumes "*Clorose Variegada de Citrus*", CVC. La CVC est transmise et disséminée dans les vergers par des insectes vecteurs, constituant une maladie de grande portée économique dans l'état de São Paulo puisqu'elle endommage des orangeries entières. La CVC provoque l'obstruction des vaisseaux et le mûrissement précoce des fruits, qui deviennent durs, compromettant ainsi la production des vergers. La culture des citrus est la principale activité économique de plus de 300 municipalités de l'état de São Paulo, elle correspond à 87,7% de la production nationale d'oranges et fournit 98% du jus que le pays exporte. Le projet de séquençage du génome de la *Xylella* a été financé à 98% par la FAPESP. Une partie des techniciens du projet a été recruté par le Fonds Paulista pour la Défense de la Culture des Agrumes ([Fundecitrus](#)), et une autre partie a reçu une bourse du [CNPq](#) (Conseil National de Développement Scientifique et Technologique), au travers du [programme RHAE](#) (programme de qualification en Ressources Humaines pour des Activités Stratégiques). L'objectif de ce programme est d'améliorer les conditions de compétitivité du pays afin qu'il puisse concurrencer le marché international, par la hausse de la capacité technologique sur des thèmes choisis pour leur importance stratégique par le Ministère de la Science et de la Technologie ([MCT](#)).

Feuilles d'orange avec les symptômes de la mosaïque



Le projet, conclu en février 2000, a atteint son apogée avec la publication dans le magazine Nature (volume 406: pages 151-157) d'un article sur le génome de la *Xylella*, le premier phytopathogène entièrement décodé, ce qui représente une marque dans l'histoire de la science au Brésil. Cet exploit a été réalisé par une équipe de 192 chercheurs qui a fait un travail de grande qualité, offrant une place à la science brésilienne dans les grands titres de la presse nationale et internationale.

Organisation générale du Projet Génome *Xylella* et le Réseau ONSA

Un comité scientifique, composé par Stephen Oliver ([Université de Manchester](#), Angleterre), Andre Goffeau ([Université Catholique de Louvain](#), Belgique), John Sgouros ([Imperial Cancer Research Found](#), Angleterre), Antonio Cechelli de Matos Paiva ([École Paulista de Médecine](#), Brésil) et João Lúcio Azevedo ([Université de São Paulo](#)), a été nommé par la [FAPESP](#) à la fin d'octobre 1997. Ce comité a sélectionné les laboratoires séquenceurs centraux (possédant chacun un coordinateur) responsables de la production des données de la séquence et de la distribution de fragments du génome à être déchiffrés dans d'autres laboratoires (également sélectionnés par le comité scientifique).

Un Institut Génomique Virtuel a été créé: le réseau [ONSA](#) (*Organization for Nucleotide Sequence and Analysis*), composé initialement de 34 laboratoires mais qui gagne de nouveaux adhérents à chaque nouveau projet génome lancé.

La coordination du flux des séquences a été faite dans le Laboratoire de BioInformatique situé à l'Université de Campinas ([UNICAMP](#)). Le LBI a aussi été responsable de la mise en place d'outils informatiques capables de stocker les données des séquences générées par les laboratoires séquenceurs, ainsi que du contrôle de la qualité des informations, des analyses et des prises de notes sur les séquences.

Formation du Programme Génome au Brésil

Le Projet Génome a augmenté considérablement le nombre de laboratoires dans l'État de São Paulo capables d'utiliser des techniques modernes de biologie moléculaire. Selon José Fernando Perez, directeur scientifique de la [FAPESP](#) (magazine "Pesquisa FAPESP", n° 51): "le projet de la *Xylella* n'a été possible, depuis sa conception, uniquement grâce au personnel scientifique formé au Brésil le long de ces 35 dernières années".

Le projet est arrivé à sa fin en présentant l'un de ses principaux paramètres de succès: l'amplification de cette base de compétence (un personnel qualifié et entraîné et de nouveaux leaders scientifiques). De la réussite de ce projet a résulté le lancement du [Programme Génome FAPESP](#) qui, avec d'autres institutions nationales et/ou internationales, financera d'autres projets de séquençage, parmi eux, le [Génome du Cancer](#), de la [Canne à Sucre](#) et d'un autre phytopathogène: le [Xanthomonas axonopodis pv. citri](#).

Contacts :

[Fernando de Castro Reinach](#)

Departamento de Bioquímica

[Instituto de Química - USP](#)

Av. Lineu Prestes, 748

Cidade Universitária, São Paulo/ SP

05508-900

[Andrew J.G. Simpson](#)

[Instituto Ludwig de Pesquisa sobre o câncer](#)

Hospital do Câncer A. C. Camargo

Rua Prof^o /Antônio Prudente, 109 – 4^o andar

Cep: 01509-010 São Paulo - SP

Tél.: 55 11 270 4922

Fax: 55 11 270 7001

Fundecitrus fpdc@fundecitrus.com.br

Av. Adhemar Pereira de Barros, 201 – V. Melhado

Cep 14807-040 Araraquara/SP

Fone: 55 16 201 7000

Fax: 55 16 232 2589

[João Meidanis](#)

[João Carlos Setúbal](#)

Laboratório de Bioinformática

[Universidade Estadual de Campinas - Unicamp](#)

Cidade Universitária Zeferino Vaz

Caixa Postal 6010 Cep 13083-970 Campinas/SP

Programme Génome

Projet Génome du Cancer FAPESP-LICR

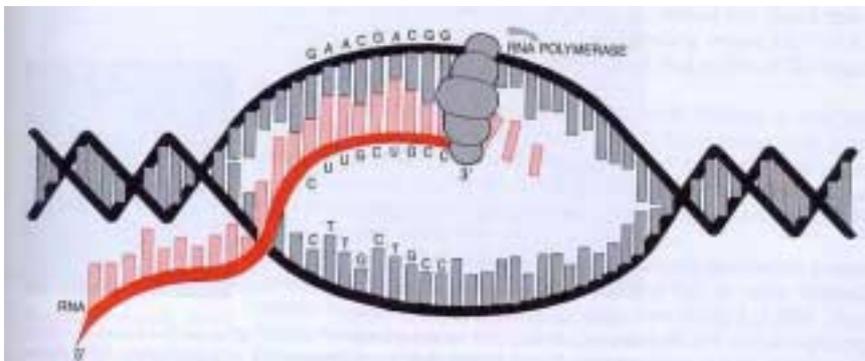
Le projet [Génome du Cancer](#) constitue la deuxième phase de l'initiative du réseau ONSA. L'investissement total du projet est de US\$ 10 millions. La moitié du budget viendra de la [FAPESP](#) et l'autre partie de [l'Institut Ludwig de Recherche contre le Cancer](#), (institution internationale basée à New York ayant un siège à São Paulo). Le projet est réalisé par un consortium de plus de 30 laboratoires partagés entre l'[Institut Ludwig](#), l'Institut de Chimie de l'Université de São Paulo ([IQUSP](#)), l'Université de l'État de Campinas ([UNICAMP](#)) et la Faculté de Médecine de Ribeirão Preto ([FMRP-USP](#)). Il dispose de diverses innovations technologiques, allant de la technique inédite ORESTES jusqu'à l'utilisation de séquenceurs automatiques de dernière génération basés sur la technologie du capillaire (MEGABACE).

La technologie de séquençage génétique nommée **ORESTES** (de l'anglais **Open Reading Frames ESTs**) a été développée et brevetée par le laboratoire de Génétique du

Cancer de l'Institut Ludwig. Cette méthode permet de séquencer la portion centrale des gènes de la tumeur humaine, région pratiquement inaccessible avec les techniques traditionnelles de séquençage des ESTs (Expressed Sequence Tags), lesquelles explorent surtout les extrémités des gènes, négligeant les informations contenues dans la portion centrale. Puisque seulement 3% de l'ADN humain code pour les protéines, les chercheurs brésiliens pensent qu'avec la méthode ORESTES, ils auront accès aux régions du génome qui les intéressent réellement.

Les scientifiques brésiliens doivent comparer leurs informations avec l'ensemble des séquences de l'espèce disponibles dans les banques de données publiques, afin de savoir si une séquence générée par le [Projet Génome du Cancer](#) est nouvelle, ou seulement une répétition d'un gène déjà découvert dans un autre projet international d'étude de l'ADN humain; ce qui est réalisé à l'aide de puissants programmes informatiques. Après avoir vérifié s'il s'agit ou non d'un fragment d'un nouveau gène, les chercheurs comparent ces données avec les informations disponibles sur l'ADN d'autres organismes.

Les scientifiques espèrent que l'évolution du séquençage du code génétique humain fournisse des indications pour l'avancée des recherches sur les tumeurs qui atteignent le plus la population brésilienne (tête, cou et intestin).



Molécule d'ADN: L'ADN est une macromolécule qui consiste en une séquence linéaire de paires de nucléotides et contient toute l'information génétique d'une cellule. Cette molécule possède des régions nommées gènes qui contiennent le plus souvent l'information pour créer une protéine spécifique. Afin de produire une protéine, l'enzyme ARN polymérase copie un gène sous la forme d'ARN messager, procédé nommé "transcription", et cet ARN messager amène les renseignements pour que les ribosomes de la cellule produisent cette protéine. Mais, tout ADN ne produira pas une protéine dans la cellule (par exemple, seulement 3% du génome humain code pour les protéines). Lorsqu'un gène produit une protéine, nous disons qu'il est "exprimé". L'expression d'un gène dépend de l'état physiologique de la cellule et peut être analysé par l'étude de la production d'ARNs messagers. Il est possible de produire un ADN complémentaire (cADN) à partir de séquences d'un ARN messager. Le

séquençage partiel de cADNs génère des ESTs (ou *Expressed Sequence Tags*), qui peuvent être utilisés dans la découverte de nouveaux gènes, dans la cartographie génomique, et dans l'identification de régions codificatrices d'une séquence génomique.

Contacts :

[Andrew J.G. Simpson](#)

[Instituto Ludwig de Pesquisa sobre o câncer](#)

Hospital do Câncer A. C. Camargo

Rua Prof^o /Antônio Prudente, 109 – 4^o andar

Cep: 01509-010 São Paulo - SP

Tél.: 55 11 270 4922

Fax: 55 11 270 7001

Projet Génome de la bactérie *Xanthomonas axonopodis pv citri*

La [Xanthomonas axonopodis pv citri](#) provoque la maladie du chancre chez les agrumes. D'autres espèces liées à la *Xanthomonas* attaquent d'autres graines économiquement importantes telles le riz, le coton, le haricot et le raisin. Le chancre des agrumes cause des lésions dans les feuilles, les fruits et les branches, provoque leur chute et abaisse donc la production. La bactérie se dissémine facilement, puisque l'homme et la larve mineuse des agrumes (*Phyllocnistis citrella*) en sont ses vecteurs.

Fruits avec des symptômes du
Chancre des Agrumes



La connaissance de la séquence complète de la *X. axonopodis pv citri* sera par conséquent de grande utilité pour l'économie nationale et internationale. La *X. axonopodis pv citri* est un parent proche de la [Xylella fastidiosa](#), mais avec un génome deux fois plus long. La disponibilité des ces deux génomes rendra possible – pour les chercheurs – la comparaison des cartes génétiques des deux espèces et la compréhension des similitudes et des différences importantes qui déterminent le métabolisme propre de chacune et leurs cycles de vie avec leur hôte commun.

Le séquençage du génome de la *X. axonopodis pv citri* est réalisé par 14 laboratoires: deux centraux, un de bioinformatique et onze de séquençage. Un des laboratoires centraux est situé dans [le Département de Biochimie de l'Institut de Chimie de l'Université de](#)

[São Paulo](#) et est coordonné par [Fernando C. Reinach](#), [Ana C. R. da Silva](#), [Ronaldo B. Quaggio](#) et [Shaker Chuck Farah](#). Le deuxième laboratoire central est coordonné par Jesus A. Ferro du Département de Technologie de l'[Unesp](#) à Jaboticabal (SP). Ces laboratoires sont chargés de la préparation et de la distribution de bibliothèques d'ADN, de la cartographie des clones et du montage du génome. La finalisation de ce projet est prévue pour juillet 2001.

Contacts :

[Jesus Aparecido Ferro](#)

Faculdade de ciências Agrárias e Veterinárias

Via de Acesso Paulo Donato Castellane, s/n

Jaboticabal-São Paulo Tél.: 55 16 323 2500 ramal: 254, 255 e 275

Projet Génome de la Canne à Sucre (SUCEST)

Le projet génome de la canne à sucre ([SUCEST- Sugar Cane EST project](#)) a été lancé officiellement en avril 1999 par les fondations [FAPESP](#) et [FACEPE](#) (Fondation d'Aide à la Science et Technologie de Pernambuco) en partenariat avec la Coopérative des Producteurs de Sucre et d'Alcool de l'État de São Paulo ([Copersucar](#)). Cette coopération rendra possible le perfectionnement technique et infrastructurel dans l'état de Pernambuco, amorçant un effort national de séquençage de gènes de la plante, particulièrement de ceux liés au métabolisme de la saccharose, à la résistance de la plante aux parasites, aux maladies et aux conditions adverses du climat et du sol. La canne à sucre a été choisie pour son importance économique (tableau 1).

Tableau 1 : Importance économique de l'agro-industrie de la canne à sucre (1997-1998)

	Brésil	État de São Paulo
Portée de la production	25% de la production mondiale	60% de la production brésilienne
Zone cultivée (hectares)	5 millions	3 millions
N° d'emplois (directs et indirects)	1,3 millions	600.000
Mouvement financier/an	13,3 milliards	8 milliards
Participation de la canne à sucre dans l'exportation/ an	3,5%	—

L'objectif principal du SUCEST est d'identifier plus de 50.000 gènes dans un programme de séquençage sur une grande échelle de EST (*Expression Sequence Tag*), dans lequel des clones aléatoires, des bibliothèques de cADN construites à partir de plusieurs tissus de canne à sucre, seront séquencés. La méthode des ESTs est une technologie de séquençage rapide, basée seulement sur les parties des gènes exprimés, qui codent pour les protéines. Le projet sera jugé fini lorsqu'auront été identifiés les 50.000 gènes, ou déposées 300.000 séquences (date prévue: juillet 2003). Les clones de cADN seront utilisés pour compléter la carte génétique de la canne à sucre et serviront pour la fabrication de «microarrays».

La découverte de ces gènes pourra propulser les programmes d'amélioration génétique de la canne à sucre. De l'utilisation de ces nouveaux gènes, doit résulter une plus grande résistance des plantes aux maladies et aux parasites; et de meilleures caractéristiques agronomiques de la plante, pour sa teneur en saccharose, sa productivité, son dépaillage naturel, sa résistance à la sécheresse et aux gelées, et sa précocité.

Contact:

FACEPE

<http://www.facepe.pe.gov.br/>
facep@ce-pe.itep.br

Paulo Arruda

Tél.: 55 19 788 1137, 788 1134, 788 1130 et 788 1131

CBMEG - Centro de Biologia Molecular e Engenharia Genética

Unicamp – Universidade Estadual de Campinas

Cidade Universitária Zeferino Vaz

Caixa Postal 6010

Cep 13083-970

Campinas – São Paulo

La FAPESP et la recherche scientifique dans l'état de São Paulo



La FAPESP (Fondation d'Aide à la Recherche de l'État de São Paulo) a été fondée en 1962. Depuis 1989, la Fondation reçoit mensuellement 1% des recettes publiques de l'État de São Paulo. Les revenus générés par le patrimoine de la FAPESP (rigoureusement administré) garantissent la stabilité des fonds pour la recherche à travers le système de bourses et d'aides aux projets d'expérimentation et d'échange scientifiques. La création de programmes spéciaux est destinée à mener des nouveaux projets et à surmonter les difficultés spécifiques du

système de recherche de l'état de São Paulo. En 35 ans de fonctionnement, la FAPESP a déjà concédé près de 45.000 bourses et 35.000 aides à la recherche. Le bilan de ces années d'investissement montre que la Fondation contribue de façon décisive à l'expansion et à la consolidation de la recherche scientifique et technologique dans l'état de São Paulo, avec un grand impact sur son développement économique, social et culturel.

Contact :

FAPESP info@fapesp.br

Rua Pio XI, 1500

Alto da Lapa- São Paulo/ SP

CEP 05468-901

Tél.: 55 11 38384000

Fax: 55 11 3645 2421

Fundecitrus



La [Fundecitrus](#) est une institution tournée vers la défense sanitaire végétale, tenue par des producteurs et des industries de jus. Elle agit dans la gestion, réalise et finance des recherches scientifiques dont le but est de découvrir des moyens de combat ou de coexistence entre les maladies ou parasites et la culture des agrumes. La fondation investit annuellement autour de 3 millions de reais pour la recherche; elle permet l'échange d'informations et stimule des études en partenariat entre les institutions et les scientifiques brésiliens.

Copersucar



La [Copersucar](#) est la coopérative des producteurs de canne à sucre, de sucre et d'alcool de l'État de São Paulo. Elle a été fondée à la fin des années 50. Son objectif est de commercialiser la production et d'aider les agriculteurs dans tous les secteurs du système productif. Sa recette annuelle brute est de l'ordre de 2,3 milliards de reais et sa participation dans le marché correspond à 25% de la production nationale de sucre et d'alcool.

Le Brésil et la phase post-génome

Les millions de bases lues dans le [projet génome de la Xylella](#), et celles qui seront générées par les différents projets du Programme Génome encore en cours, ne nous disent pas

malheureusement ce que les gènes font, comment les cellules travaillent, comment les mutations dans le génome causent une maladie ou comment développer un médicament pour la combattre. C'est à ce moment qu'entre en scène le génome fonctionnel, dont l'objectif est de comprendre comment les composants travaillent en groupe, aboutissant en une cellule fonctionnelle. Pour obtenir un avantage de ce grand nombre d'informations générées, de nouvelles technologies sont nécessaires. Parmi les plus puissants et versatiles outils utilisés pour analyser les séquences générées, il y a les ADNs – Arrays.

La technologie des ADN-Arrays correspond au monitoring de l'expression génique (abondance de mRNA) d'une cellule. La collection de gènes qui seront exprimés ou transcrits du génome (quelques fois désigné comme paramètre d'expression, ou "transcriptoma") est la plus grande déterminante du phénotype et de la fonction cellulaire. La transcription est le premier pas dans le procédé de synthèse de la protéine; les différences dans l'expression génique sont responsables des différences morphologiques et phénotypiques, ainsi qu'indicatives de la réponse cellulaire au stimulus environnemental. Afin de connaître la fonction des gènes, savoir quand, où et combien un gène est exprimé est essentiel pour comprendre l'activité et le rôle biologique de la protéine qu'il code.

Avançant dans le domaine de cette puissante technologie se trouve le groupe d'Immunogénétique, du Département de Génétique de la [Faculté de Médecine de l'USP de Ribeirão Preto](#), coordonné par le [Dr. Geraldo A. S. Passos](#), qui compte avec l'appui de chercheurs français. Ces derniers, Catherine Nguyen et Van Khan Nguyen, spécialistes de l'équipe TAGC du [Centre d'Immunologie de Marseille](#) – Luminy (France), ont visité le Département de Génétique de la FMRP-USP, Campus de Ribeirão Preto, à la fin d'août 1999 et ont présenté en détail la nouvelle technique aux élèves de "pós-graduação"¹ de ce secteur. Selon le Dr. Geraldo Passos, c'était le premier cours sur les ADN-Arrays, avec des classes théoriques et pratiques, organisé au Brésil. Récemment, en septembre 2000, le Dr. Bertrand Jordan, également de l'équipe TAGC, est venu au Département de Génétique de la FMRP-USP afin d'administrer un cours théorique sur la Génomique et les ADN-arrays. Ces événements ont été possibles grâce à l'accord de coopération [INSERM-FAPESP](#) qui prévoit l'intégration de chercheurs brésiliens dans l'équipe TAGC et la venue de chercheurs français au Brésil.

¹ Il n'y a pas d'équivalent en français du système d'étude supérieure brésilien. C'est un peu l'équivalent de ce que l'on appelle le DEA - Diplôme d'Études Approfondies - en France.

Peu à peu, de plus en plus de centres s'équipent et utilisent cette technologie dans la phase fonctionnelle de nombreux projets génomes en cours dans le pays. Parmi ces groupes, nous pouvons mettre en évidence le projet du [Dr. Regina Lúcia Batista da Costa Oliveira](#) et de Luis Nunes, du noyau intégré de Biotechnologie de [l'Université de Mogi das Cruzes](#) (état de São Paulo) qui utilisera les ADN-arrays pour identifier et analyser fonctionnellement les gènes qui répondent à une contrainte oxydative dans la [Xylella fastidiosa](#).

Contacts

[Geraldo A. S. Passos](#)

Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto-USP
Depto de Genética-Bloco I
Av. Bandeirantes 3900
Cep: 14049-900 Ribeirão Preto – SP

[Bertrand Jordan](#)

[Catherine Nguyen](#)

Equipe TAGC/ Centre d'Immunologie Marseille - Luminy
INSERM-CNRS
Marseille – França

[Regina Lúcia Batista da Costa de Oliveira](#)

[Luiz Roberto Nunes](#)

Núcleo Integrado de Biotecnologia
Av. Dr. Cândido Xavier de Almeida Souza, 200
Centro Cívico
08780-210 Mogi das Cruzes, SP
tél. : 55 11 47987331

Alternativement à l'analyse de l'expression génique, il est possible de faire l'analyse fonctionnelle du génome en examinant les protéines, principales responsables du phénotype cellulaire. Un des projets, qui est en phase initiale au Centre d'Énergie Nucleaire pour l'Agriculture ([CENA-USP](#)) et qui aura la coordination de Claudia de Mattos Bellato, vise à identifier les gènes de la pathogénie impliqués dans l'interaction *Xylella*-agrumes, au travers de l'analyse de protéines, utilisant la technique d'électrophorèse bidimensionnelle.

Un autre investissement brésilien dans la phase post-génome sera le Projet Génome Structurel, lancé par la [FAPESP](#) en partenariat avec [l'Institut Ludwig de Recherche contre le Cancer](#). Le projet prévoit l'investissement de US \$3,5 millions pendant 4 ans. Les ressources seront distribuées à un réseau de 15 laboratoires de l'État de São Paulo.

En juillet 2000, fut organisé un séminaire de présentation de ce projet dans l'auditorium de la FAPESP. Des chercheurs intéressés et des scientifiques ayant déjà travaillé dans ce domaine au Brésil et à l'étranger y ont participé. Étaient également présents à cette manifestation les scientifiques suivants: Roberto Poljak (Centre de Recherches Avancées en Biotechnologie de l'[Université de Maryland](#), USA), Cristina Redfield ([Centre pour les Sciences Molleculaires d'Oxford](#), Angleterre), et William Studier (Département de Biologie du Laboratoire National Brookhaven, USA), qui feront partie du comité d'accompagnement du projet.

Autres programmes

Programme Génomes des Environnements Naturels et Agronomiques

Un nouveau programme, nommé Génomes des Environnements Naturels et Agronomiques, doit réaliser le séquençage de deux bactéries: une variété de la *Xylella* qui attaque les vignes, et celui de la *Leifsonia xyli subsp. Xyli*, qui attaque la tige de la canne à sucre.

Le projet génome de la *Xylella* des vignes comptera sur le partenariat du Département de l'Agriculture des États Unis ([USDA](#)), qui partagera avec la FAPESP un investissement de US\$ 500.000. La date prévue pour la divulgation des résultats est 2001. Cette variété de *Xylella* cause la maladie de Pierce, fatale pour les vignes. La bactérie colonise les vaisseaux conducteurs de la plante, le xylème, réduisant l'approvisionnement en eau des feuilles.

D'autre part, le projet génome de la *Leifsonia xyli subsp. Xyli* sera le fruit de la coopération entre la Copersucar, la FAPESP et un institut de recherche d'Australie, pays également producteur de canne à sucre. La bactérie, aussi connue comme *Clavibacter*, attaque la tige de la canne à sucre et est transmise par le jus de canne qui reste sur la machette au moment de la récolte. Connaître le génome de ce micro-organisme et identifier les gènes liés à la pathogénie de la bactérie rendront possible le contrôle de la maladie.

Contacts:

[Marie – Anne Van Sluys](#)
[Mariana Cabral de Oliveira](#)
[Instituto de Biociências-USP](#)
Departamento de Botânica
Rua do Matão, 277
Cidade Universitária, São Paulo/ SP
05508-900

Programme Centres de Recherche, Innovation et Diffusion (Cepids)

Le 14 septembre 2000, la FAPESP a annoncé officiellement dix projets sur divers thèmes admis pour intégrer le Programme Centres de Recherche, Innovation et Diffusion ([CEPID](#)). Le programme CEPID (inspiré par le modèle nord-américain, déjà adopté dans 20 centres de science et technologie de la *National Science Foundation*) financera R\$ 16,9 millions annuels, pour une période de 5 ans, extensible à 11 ans, pour le développement de recherches multidisciplinaires. En plus des programmes de base de "pós-graduação", les centres auront la responsabilité de développer des activités dans le domaine de l'éducation, comme des cours et des stages pour élèves et professeurs du second degré.

Parmi les CEPIDs choisis, nous pouvons remarquer le Centre de Biotechnologie Structurale – [USP de São Carlos/Laboratoire National de Rayonnement Synchrotron \(LNLS\)](#) et le [Centre d'Études du Génome Humain –IBUSP](#), tous deux actuant dans le domaine de la génétique.

Centre de Biologie Molleculaire Structurale (CBME)

Le CBME est une initiative résultante de la collaboration scientifique entre des chercheurs de [l'Université de São Paulo du campus de São Carlos](#), du Laboratoire National de Rayonnement Synchrotron (LNLS) à Campinas, et de l'Université Fédérale de São Carlos ([UFSCar](#)). Les informations générées dans des projets, comme par exemple celui du génome humain, seront utilisées pour approfondir la connaissance sur les systèmes biologiques au travers de l'étude du fonctionnement de la protéine et de sa structure, utilisant pour cela des outils de physique, chimie et biologie; le tout dans le but de trouver des applications pratiques pour la santé humaine, l'agriculture, l'élevage et l'*agro-busines*. Le CBME a déjà neuf projets de recherche en cours, tous sur l'association de gènes aux maladies infectieuses endémiques au Brésil, comme la maladie de Chagas (trypanosomiase sud-américaine), la leishmaniose, la

schistosomiase, la fièvre jaune, la malaria, l'hépatite B, la tuberculose et la diarrhée. D'autres projets incluent des maladies génétiques (trisomie 21).

Contact:

[Glaucius Oliva](#)

Grupo de Cristalografia (GC)

Caixa Postal 369 - CEP: 13560-970 - São Carlos - SP - Brasil

Tél.: (55 16) 273.9874

Centre d'Études du Génome Humain (CEGH)

Le CEGH est installé dans les dépendances de [l'Institut de Biosciences de l'USP](#). Ses principaux objectifs sont l'étude des désordres génétiques au travers de la cartographie génomique, du clonage et de l'identification de protéines responsables de maladies, et le suivi des familles par l'identification de situations de risque, l'orientation génétique et le diagnostic prénatal. Les chercheurs du centre réaliseront encore des investigations dans le domaine de l'anthropologie avec l'objectif de connaître les variations des bases génétiques parmi les différents groupes ethniques qui forment la population brésilienne.

Dans le champ de la diffusion de recherches en génétique humaine, le CEGH produira des vidéos, des logiciels, un journal d'informations scientifiques et un sommaire des activités éducatives qu'il développe.

Contact:

[Mayana Zatz](#)

Centro de Estudos do Genoma humano-Instituto de Biociências-USP

Rua do Matão, travessa 14 n : 321

Cidade Universitária – São Paulo

Cep 05508-900

Laboratoire National de Rayonnement Synchrotron (LNLS)



Le Laboratoire National de Rayonnement Synchrotron ([LNLS](#)) de l'[UNICAMP](#) est rattaché au [COCEN](#) (organisme de la Direction lié à la Coordination Générale de l'Université, qui dirige les activités des Centres et des Noyaux Interdisciplinaires de Recherche).

Depuis juillet 1997, avec le début des activités du LNLS, le Brésil est entré dans une phase prometteuse pour le développement des recherches dans le domaine des matériaux. Peu

connue encore du grand public, la méthode de rayonnement synchrotron est un des plus importants outils de la biotechnologie. Elle permet de décrire une molécule de protéine avec l'exact positionnement de chacun de ses atomes et de connaître la relation entre la structure et la fonction de la protéine, ainsi que sa nature et sa séquence d'acides aminés. L'application de cette connaissance est vaste, elle va de la production de médicaments jusqu'à la compréhension des mécanismes d'action des protéines dans l'organisme.

Pour réaliser des expérimentations avec le rayonnement synchrotron, des chercheurs rattachés à des institutions brésiliennes, non résidents dans l'état de São Paulo, peuvent postuler au [Programme PAP](#) (Programme d'Aide aux Chercheurs) développé par le LNLS.

Plantes transgéniques et Biosécurité

Grace à la technologie de l'ADN recombinant, des plantes sont en train d'être modifiées génétiquement par l'introduction ou la modification de gènes. Cela ouvre de nouvelles possibilités comme la production de plantes résistantes aux pesticides et aux maladies, moins vulnérables aux stress biotique et abiotique, moins dépendantes en intrants, de meilleure qualité nutritionnelle et productrices de vaccins et de médicaments. La plupart des études sur les transgéniques au Brésil sont réalisées par l'Entreprise Brésilienne de Recherches en Agronomie ([EMBRAPA](#)).

L'EMBRAPA, une des plus grandes institutions du monde tropical, créée en 1973, est rattachée au [Ministère de l'Agriculture et de l'Approvisionnement](#). Sa mission est de trouver des solutions pour le développement de l'*agro-business* brésilien par la génération, l'adaptation et le transfert de savoir et de technologies au profit de la société. Elle agit par l'intermédiaire de 37 Centres de Recherche, 3 Services et 15 Unités Centrales distribués dans presque tous les États brésiliens. L'entreprise possède aujourd'hui près de 8.660 employés, dont 2.063 sont chercheurs, 52% ont une maîtrise et 43% le doctorat. Cette institution est impliquée dans la production de plusieurs plantes transgéniques, dont:

- le haricot (*Phaseolus vulgaris* L.) résistant aux herbicides, comme par exemple le PPT ("fosfotricina") ;
- le haricot, (qui normalement produit de bas taux de méthionine), les niveaux de cet acide aminé ont été corrigés de 14 à 23% par l'introduction d'un transgène qui code pour une albumine riche en méthionine ;
- le coton (*Gossypium hirsutum* L.), résistant à l'herbicide Imazapyr par l'introduction du gène *ahas* d'*Arabidopsis thaliana*. La technique développée

pourra permettre des futures introductions de gènes d'intérêt économique dans la culture du coton ;

- la *Stylosanthes guaianensis*, plante naturellement résistante aux facteurs biotiques et abiotiques, mais de faible valeur nutritionnelle, a été modifiée génétiquement par l'introduction du gène BE2S1, qui code pour une albumine riche en méthionine qui pourra être utilisée pour l'alimentation d'animaux non ruminants, ces derniers ne pouvant pas faire la synthèse à nouveau de méthionine;
- la laitue transgénique (bioréacteur), capable de produire une protéine de *Leishmania*, agent de la leishmaniose (maladie qui atteint 12 millions de personnes dans le monde). La protéine peut protéger des souris lorsqu'elle est administrée sous forme de vaccin traditionnel. La prochaine étape sera d'alimenter des cobayes avec la laitue-vaccin, qui sera élaborée en collaboration avec l'[UFMG](#) (Université Fédérale de Minas Gerais).

Contact:

[Elíbio L. Rech](#)

[EMBRAPA](#) Recursos Genéticos e Biotecnológicos

Laboratório de transferência e expressão de genes

Parque Estação Biológica

Final Avenida W3 Norte

Br-70770900 Brasília, DF, Brésil

Vous trouverez de plus amples informations sur l'Embrapa en consultant le site du [CenDoTeC](#). Nous avons élaboré un "[mémo Embrapa](#)", offrant une description détaillée de l'organisme.

Comme dans d'autres pays, l'introduction de la technologie de production des transgéniques est en train de soulever des interrogations chez la société. Dès 1995, le Brésil dispose d'une législation de biosécurité qui figure parmi les plus complètes et avancées du monde. La Loi 8974, connue sous le nom de "Loi de la Biosécurité", réglementée par le décret n°1752 (du 20/12/95), a établi les directives d'utilisation des techniques d'ingénierie génétique et de libération dans l'environnement d'Organismes Génétiquement Modifiés (OGMs). Pour établir les normes des activités et les projets impliquant les OGMs, a été créée la Commission Technique Nationale de Biosécurité ([CTNBio](#)), rattachée au secrétariat du [Ministère de la Science et de la Technologie](#). Il appartient à la CTNBio d'émettre des avis techniques sur la

libération des OGMs dans la nature et le suivi du développement technique et scientifique de la biosécurité et de ses domaines adjacents.

Avant l'exploitation d'un OGM sont exigées des informations sur sa carte génétique, sur la caractérisation de sa modification génétique, sa stabilité, l'identification des effets du gène inséré sur la santé humaine, animale et environnementale, les mécanismes de dispersion dans l'air, dans l'eau et dans le sol.

Fondation Oswaldo Cruz et le Génome *Trypanosoma Cruzi*



L'actuel [Institut Oswaldo Cruz](#), à Manguinhos, zone nord de la ville de Rio de Janeiro, a été créé en 1900 en tant qu'Institut de Sérothérapie National pour la production de sérums et vaccins contre la peste. Le long de son histoire, cet Institut s'est consacré à la recherche et à la médecine expérimentale, surtout qu'après Oswaldo Cruz en ait assumé la direction en 1902. Dans les années 70 a été instituée la Fondation Oswaldo Cruz (Fiocruz), réunissant l'Institut de ce même nom, la Fondation de Ressources Humaines pour la Santé et l'Institut Fernandes Figueira. Actuellement, la Fiocruz est rattachée directement au Ministère de la Santé, et développe des partenariats et des programmes de recherche avec diverses institutions nationales et internationales.

La Fiocruz collabore également pour le développement national dans le domaine de la science et de la technologie en santé au travers de : activités de recherche de base et appliquée, enseignement, assistance hospitalière et ambulatoire, formulation de stratégies de santé publique, information et diffusion, formation de personnel, production de vaccins, médicaments, *kits* de diagnostique et réactifs, et contrôle de qualité.

Dans le domaine de la génétique sont développées surtout des recherches liées aux maladies tropicales infectieuses telles la leishmaniose, la malaria, et la maladie de Chagas (trypanosomiase sud-américaine), qui atteignent entre de 6.000 et 8.000 personnes par an au Brésil. Parmi les projets liés au Génome, l'Institut participe à celui du Génome du *Trypanosoma cruzi*, de l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS), qui a déjà été decodé à 60%.

Contact :

[Samuel Goldenberg](#)

[Instituto Oswaldo Cruz](#)

Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular

Av Brasil, 4365

Rio de Janeiro

Glossaire

CHROMOSOME = consiste en une longue molécule d'ADN associée à des protéines. Il est visible comme une entité morphologique pendant la division cellulaire. Différents organismes ont différents nombres de chromosomes. L'humain a 23 paires de chromosomes. Chaque parent contribue avec un chromosome de chaque paire, ainsi la moitié de chromosomes de l'enfant vient de la mère et l'autre moitié du père.

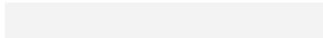
SÉQUENÇAGE D'ADN = détermination exacte de l'ordre des paires de bases dans un segment d'ADN.

GÈNE = unité fonctionnelle et physique de l'héréditarité transmise par les parents aux enfants. Correspond à une partie d'ADN impliquée dans la production d'un polypeptide.

GÉNOME = tout ADN contenu dans un organisme ou une cellule, ce qui comprend aussi bien les chromosomes dans le noyau, comme l'ADN dans la mitochondrie.

EXPRESSION GÉNIQUE = processus de production de protéines à partir des instructions contenues dans une molécule d'ADN.

TRANSGÉNIQUES = organismes produits expérimentalement par l'introduction d'un ADN étranger dans le noyau d'un embryon fertilisé.



CV Geraldo Passos

1. Dados Pessoais de Identificação:

- 1.1) **Nome:** Geraldo Aleixo da Silva Passos Jr.
- 1.2) **Data de Nascimento:** 20 de abril de 1958.
- 1.3) **Local:** Sertãozinho, SP.
- 1.4) **RG:** 10.878.584.-1 SSP-SP
- 1.5) **CIC:** 036.285.478-57
- 1.6) **Título de Eleitor:** 12 60 67 80 01-59
- 1.7) **Estado Civil:** Casado com Rosa A. Bottosso Passos
- 1.8) **Filhos:** Janine Bottosso Passos (nasc. 30/4/90)
- 1.9) **Endereço Residencial:** Rua Marisa, 220 apto. 05
14091-150 Ribeirão Preto SP.
- 1.10) **Tel. Residencial:** 016 624 57 70
- 1.11) **E-mail:** passos@rge.fmrp.usp.br

2. Formação Acadêmica:

2.1) Graduação: Ciências Biológicas pela Universidade Estadual Paulista "Julio de Mesquita Filho" (UNESP), Campus de São José do Rio Preto SP. (1980-1983).

2.2 Pós-Graduação e Livre Docência:

2.2.1) Mestrado em Bioquímica pela Universidade de São Paulo, Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto (1984-1986), apresentando a Dissertação "Indução In Vivo de memória Imunológica a Antígenos Tumoriais Humanos com RNA Imune". Orientador Prof. Dr. Fernando Luiz de Lucca. Foi aprovado com nota dez e distinção e louvor.

2.2.2) Doutorado em Bioquímica pela Universidade de São Paulo, Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto (1986-1988), apresentando a Tese "Transferência In Vitro e In Vivo de Imunidade Celular a Um Peptídeo Sintético Contendo Um dos Epítomos da Glicoproteína GP-41 do Vírus da Imunodeficiência Humana (HIV-1) com RNA Imune. Orientador Prof. Dr. Fernando Luiz De Lucca. Foi aprovado com nota dez e distinção e louvor.

2.2.3) Pós-Doutorado em Genética Molecular realizado no Laboratoire d'Immunogénétique Moléculaire (LIGM), Institut de Génétique Moléculaire de Montpellier-France (Université de Montpellier e CNRS), sob a orientação da Profa. Dra. Marie-Paule Lefranc (1992-1994). Foi bolsista da CAPES. O estágio proporcionou treinamento em imunogenética molecular (genes de imunoglobulinas humanas) e gerou publicações.

2.2.4) Livre Docência em Genética pela Universidade de São Paulo, Faculdade de Odontologia de Ribeirão Preto, Disciplina de Genética, tendo apresentado a Tese "Organização Genômica, Recombinação V(D)J e Expressão Gênica nos Loci de Imunoglobulinas e de Receptores de Células T" (junho de 1999).

2.2.5) Estágios de Pesquisa em Genética Molecular realizado no Grupo "ATGC" (Advanced Technologies for the Genomics and Clinics) no Centre d'Immunologie de Marseille-Luminy (INSERM-Marseille, France) (jan.-fev. 1999, jan.- fev. e nov. 2000) para o estudo da expressão gênica diferencial durante a ontogenia do timo usando DNA-arrays (Acordo de cooperação INSERM-FAPESP).

3) Atividades Profissionais:

3.1) Professor-Associado (MS-5) em RDIDP, Disciplina de Genética, Departamento de Morfologia, Estomatologia e Fisiologia da Faculdade de Odontologia de Ribeirão Preto USP, tendo sido contratado em 1988 e concursado em 1996. Ministra as Disciplinas de **Genética** e

Genética de Microrganismos para os Cursos de Odontologia e Farmácia- Bioquímica , USP, Ribeirão Preto.

3.2) Orientador de Pós-Graduação: Área de Genética, Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto USP. No Departamento de Genética desta Faculdade organizou o **Grupo de Imunogenética Molecular** onde orienta alunos de pós-graduação em Genética (mestrado e doutorado) e estagiários de iniciação científica. Ministra o curso "Imunogenética Molecular" RGM-872 (06 créditos).

É também credenciado nas seguintes Áreas : Imunologia Básica e Aplicada desta Faculdade (Curso: Genômica Aplicada à Imunologia, 04 créditos) e Área de Genética e Evolução da Universidade Federal de São Carlos (Curso: Mapeamento Físico do Genoma Humano). Em todas estas áreas orienta Teses de Mestrado e Doutorado.

3.3) Endereços Profissionais:

3.3.1) Faculdade de Odontologia de Ribeirão Preto USP

Depto. de Morfologia, Estomatologia e Fisiologia, Disciplina de Genética.
14040-904 Ribeirão Preto SP.

3.3.2) Grupo de Imunogenética Molecular

Depto. de Genética, Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto USP
14040-900 Ribeirão Preto SP.

Tel. 016 602 3030

FAX 016 633 00 69

E-mail passos@rge.fmrp.usp.br

Home-page www.rgm.fmrp.usp.br/imunogenetica

4) Publicação de Trabalhos Científicos (21 no total + tradução de 1 livro + 2 artigos de divulgação):

Queiroz RGP, Tamia-Ferreira MC, Carvalho IV, Petean FC, PASSOS GAS (2001) Association between EcoRI fragment-length polymorphism of the immunoglobulin lambda variable 8 (IGLV8) gene family with rheumatoid arthritis and systemic lupus erythematosus. *Braz. J. Medical Biol. Res.* (in press)

Macedo C, Junta CM, PASSOS GAS (1999) Onset of T-cell receptor V β 8.1 and D β 2.1 V(D)J recombination during thymus development of inbred mouse strains. *Immunol. Letters* 69: 371-373.

Silva MI, PASSOS GAS (1999) The human immunoglobulin IGLV9 gene is a monomorphic marker in the urban Brazilian population. *Immunol. Letters* 69: 369-370.

Junta CM, PASSOS GAS (1998) Emergence of TCR α/β V(D)J recombination and transcription during ontogeny of inbred mouse strains. *Molecular and Cellular Biochem.* 187: 67-72.

PASSOS GAS, Picanço VP (1998) Frequency of the Δ ccr5 deletion allele in the urban Brazilian population. *Immunol. Letters* 61: 205-207.

PASSOS GAS (1998) Physical map and one-megabase sequencing of the human immunoglobulin lambda locus (Review) *Genetics and Mol. Biol.* 21: 281-286.

PASSOS GAS, Queiroz RGP, Brulé A (1997) EcoRI restriction fragment length polymorphism of the IGLV8 human immunoglobulin variable lambda 8 (IGLV8) reveals a gene family. *Human Immunology* 55: 96-102.

Queiroz RGP, Carrier A, Victorero G, Jordan B, PASSOS GAS (1997) Chromosomal location of the IGLV8 gene family outside the major lambda locus on chromosome 22q11. *Immunol. Letters* 59: 177-180.

PASSOS GAS, Lefranc MP (1997) A 37 kb restriction map of the human immunoglobulin lambda variable locus, VB cluster, harboring four functional genes and two non-coding V-lambda sequences. *Braz. J. Genetics* 20: 725-730.

PASSOS GAS (1997) The genomic organization and complete sequencing of the human T-cell receptor beta locus (Review). *Braz. J. Genetics* 20: 119-121.

Gonçalves A, Silva MI, PASSOS GAS (1995) In vivo immunomodulation with poly (A) RNA against a murine Balb/3T3 fibrosarcoma transfected with a mutant Ha-Ras-1 oncogene. *Braz. J. Genetics* 18: 363-367.

PASSOS GAS, Frippiat JP, Lefranc MP (1994) Definition of a sequence tagged site for the human immunoglobulin IGLV9S1 gene located at chromosome 22q11. *Exper. Clin. Immunogenetics* 11: 222-226.

Darini ALC, PASSOS GAS, Levy CE, Zucchi TMAD (1994) Study of multiresistant *Staphylococcus aureus* isolates from a Brazilian hospital. *Revista de Microbiologia* 25: 225-228.

PASSOS GAS (1991) induction of immunological memory for HIV-1 in rabbits with immune poly(A)+ RNA. *Braz. J. Med. Biol. Res.* 24: 711-715.

PASSOS GAS, De Lucca FL (1991) Transfer of cellular immunity to a synthetic env antigen of the human immunodeficiency virus (HIV-1). *Mol. Cell. Biochem.* 108:1-8.

Zucchi TMAD, PASSOS GAS, De Lucca FL (1989) RNA-mediated genetic transformation in *Aspergillus nidulans*. *Cell. Mol. Biol.* 35: 573-580.

PASSOS GAS, De Lucca FL (1988) In vivo induction of immunological memory to human tumor extract with poly (A) containing immune RNA. *Cell. Mol. Biol.* 35: 573-580.

Mendes NF, Peixinho ZF, Longo IM, Moura NC, Beck C, PASSOS GAS, De Lucca FL (1986) Transfer of cell-mediated immunity to HIV antigens in vivo to a Cebus monkey and in vitro to a human lymphocytes with xenogeneic immune RNA. *Braz. J. Med. Biol. Res.* 19: 747-751.

PASSOS GAS, Zucchi TMAD (1982) Incapacidade do beta-caroteno de proteger *Escherichia coli* J5 da ação letal da luz ultra-violeta. *Revista de Microbiologia* 13: 126-130.

PASSOS GAS, De Lucca FL (1981) Chemical dissociation of the 26 S rRNA of *Rhodnius prolixus* and release of 5.8 S RNA. *IRCS Medical Sci. (Biochem.)* 9: 541.

Ishikawa H, Gonçalves W, PASSOS GAS, De Lucca FL (1981) Comparative studies on thermal stability of animal ribosomal RNAs (VI). *Comp. Biochem. Physiol.* 68(B): 377-381.

Artigos de Divulgação:

PASSOS GAS (1977) Antibióticos: Uma faca de dois gumes. *A Cidade (Ribeirão Preto)* 25/12/1977.

PASSOS GAS, Nguyen C, Jordan B (2000) Projeto transcriptoma: análise da expressão gênica em larga escala usando DNA-arrays. *Revista Biotecnologia, Ciência e Desenvolvimento (Ano II, Número 12)* pags.34-37.33333

5) Livro:

5.1) Viagem ao Redor do Genoma . Volta ao Mundo em 80 Laboratórios.

Publicado pela Editora da Sociedade Brasileira de Genética em 1996, 182 pags). Tradução do original em francês *Voyage Autour du Génome* de Bertrand Jordan. INSERM-John Libbey Eurotext, 1993.

6) Auxílios à Pesquisa Recebidos:

6.1) Projeto FAPESP: "Organização e Expressão de Genes de Receptor de Antígenos em Células T Durante o Desenvolvimento".

Valor: US\$ 25.000,00

Período: 1991-1996.

6.2) Projeto CNPq: "Organização e Expressão de Genes de Receptor de Antígenos em Células T Durante o Desenvolvimento".

Valor: US\$ 2.500,00

Período: 1991-1992.

6.3) Projeto CNPq-FAPESP: "Análise da Influência dos Fatores Genéticos (Genes RAG e MHC) na Recombinação de Genes de Receptores de Antígenos em Células T".

Valor: US\$ 26.000

Período: 1997-1998.

6.4) Projeto FAPESP: "Análise Molecular de Regiões do Locus V-Lambda das Imunoglobulinas Humanas Contendo Sequências Candidatas a Novos Genes".

Valor: US\$ 60.000,00 + US\$ 6.000,00 + US\$ 15.000,00 .

Período: 1995-1998.

6.5) Projeto FAPESP: "Sequenciamento, Recombinação e Expressão de Genes V-Lambda das Imunoglobulinas Humanas no Lúpus Eritematoso Sistêmico".

Valor: US\$ 62.000,00 + US\$ 16.000,00 + R\$ 25.000,00

Período: 1998-2000.

6.6) Projeto FAPESP: "Emergência da Recombinação V(D)J no Locus TCR β e Expressão Gênica Diferencial Durante a Ontogenia do Timo" .

Valor: US\$ 77.000,00 + R\$ 25.000,00 + US\$ 26.000,00

6.7) Acordo INSERM-FAPESP: "Emergência da Recombinação V(D)J no Locus TCR β e Expressão Diferencial Durante a Ontogenia do timo."

Período: 1999-2000.

6.8) Projeto Genoma Câncer (Transcript Sequencing) FAPESP-Inst. Ludwig: Sequenciamento do transcriptoma total a partir de cDNAs de tecidos tumorais humanos.

Valor aproximado em US\$ dividido em 31 laboratórios: US\$ 960.000,00

7) Participação em Congressos Científicos:

7.1) Internacionais: Desde 1984 participou de 15 Congressos Internacionais, com comunicações científicas.

7.2) Nacionais: Desde 1978 participou de diversos Congressos Científicos Nacionais (Sociedades Brasileiras de Bioquímica e de Genética e FESBE) com mais de 40 comunicações.

8) Projetos em Andamento:

Atualmente desenvolve 08 (oito) projetos de pesquisa, junto com pós-graduandos (Áreas de Genética e Imunologia, FMRP-USP) e professores colaboradores, dentro das linhas de genética molecular de imunoglobulinas e de receptores de células T (genes humanos e de camundongos).

Desenvolve trabalhos em colaboração com pesquisadores de exterior (França e Alemanha)

Convênio de Pesquisa com a França: Acordo INSERM-FAPESP 1999-2000 para o desenvolvimento conjunto do Projeto Transcriptoma (análise da expressão gênica usando DNA-arrays) no Centro de Imunologia de Marseille-Luminy (Marseille).

Convênio de Pesquisa com a Alemanha: Acordo com o Projeto Genoma Alemão, Ressource Zentrum (RZPD), Instituto de Genética Molecular Max Planck, Berlin, para o screening de cosmídeos do cromossomo 22 humano.

9) Assessoria:

(1997)

Atuou como *referee* na avaliação de um trabalho sobre imunogenética do *Pemphigus vulgaris* para a revista *Human Immunology*.

(2000)

Assessor da FAPESP em projetos genética molecular.

10) Orientações:

Concluiu a orientação de cinco Dissertações de Mestrado na USP, duas em 1992, uma em 1996 e duas em 2000, quatro Doutorados, sendo três na USP e um na UFSCar em 1999.

Atualmente orienta três dissertações de Mestrado, duas Teses de Doutorado, cinco estagiárias de iniciação científica (uma com bolsa da FAPESP).

Prof. Dr. Geraldo A. S. Passos Jr.

Fevereiro de 2001.