RESUMOS COM RESULTADOS 105
ARTIGOS COMPLETOS (RESUMOS) 107

RESUMOS COM RESULTADOS

ANÁLISE FILOGENÉTICA DE ESPÉCIES ANIMAIS COM BASE EM SEQUENCIAS NUCLEOTÍDICAS DE GENES CONSERVATIVOS E NÃO CONSERVATIVOS 106

Pesquisa (ENAPI)

Comunicação oral

UNIVERSIDADE DO OESTE PAULISTA - UNOESTE
CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
Genética

ANÁLISE FILOGENÉTICA DE ESPÉCIES ANIMAIS COM BASE EM SEQUENCIAS NUCLEOTÍDICAS DE GENES CONSERVATIVOS E NÃO CONSERVATIVOS

ANA CAROLINA PRETO MALAMAN - UNIVERSIDADE DO OESTE PAULISTA - UNOESTE
ANTONIO FLUMINHAN JÚNIOR - UNIVERSIDADE DO OESTE PAULISTA - UNOESTE

Os recentes avanços das técnicas moleculares têm permitido que grandes quantidades de dados biológicos sejam produzidos e analisados rapidamente, tornando as ferramentas de bioinformática fundamentais para os estudos em diversas áreas da biologia. Os bancos genômicos internacionais, tais como NCBI, EBI e DDBJ disponibilizam dados que contribuem para a realização de inúmeras pesquisas. Este trabalho visou a utilização de sequências nucleotídicas para a análise comparativa entre genes conservativos e não conservativos de espécies animais, a fim de confrontar as relações filogenéticas inferidas com a relação taxonômica consensual das espécies. Foram analisadas sequências dos genes conservativos do Citocromo C Oxidase (COX4), genes da Histona H3 e Histona H4 e genes não conservativos da região determinadora de sexo (SRY), gene do Superóxido Dismutase Solúvel (SOD1) e gene do Superóxido Dismutase Mitocondrial (SOD2). Foram produzidos cladogramas e avaliadas a presença ou ausência de divergências filogenéticas na ordenação das espécies. Foram analisadas 45 espécies animais que possuem dados disponíveis para os referidos genes. As espécies estudadas envolveram: 7 invertebrados, 5 peixes, 2 anfíbios, 5 répteis, 4 aves e 22 mamíferos. Os genes H3 e H4 apresentaram grande divergência em todos os níveis taxonômicos. O COX4 apresentou divergência apenas nos táxons inferiores. O SOD1 apresentou divergências menos discrepantes que os genes H3, H4 e COX4, mas em quantidade significante. O SOD2 apresentou pouca divergência entre táxons próximos, e o gene SRY foi o que apresentou menor divergência entre as representações. Foi constatado que os genes com menor idade evolutiva apresentaram os resultados mais coerentes em relação à classificação taxonômica consensual das espécies avaliadas. Entretanto, genes conservativos, tais como as histonas, apresentaram maiores divergências em relação à classificação. Isso pode estar relacionado não apenas às funções dos genes, mas também ao seu tempo de evolução, sendo que genes presentes em táxons superiores indicam um tempo evolutivo menor. Os genes avaliados permitiram detectar variações significativas entre as espécies e a constatação de diferenças significativas entre os genes conservativos e os não-conservativos. Estas informações são de grande relevância para os estudos de classificação filogenética e poderão contribuir para uma melhor compreensão dos mecanismos envolvidos com a evolução molecular dos genes. PIBIC-CNPq / UNOESTE

ARTIGOS COMPLETOS (RESUMOS)

GENOTIPAGEM DO GENE KAPPA CASEÍNA E SUA INFLUÊNCIA NA PORCENTAGEM DE CASEÍNA E PRODUÇÃO DE QUEIJO FRESCAL 108

VINCULAÇÃO GENÉTICA COMO FERRAMENTA PARA TITULAÇÃO DAS TERRAS REMANESCENTES QUILOMBOLAS 109

Pesquisa (ENAPI)

Poster

UNIVERSIDADE DO OESTE PAULISTA - UNOESTE
CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
Genética

GENOTIPAGEM DO GENE KAPPA CASEÍNA E SUA INFLUÊNCIA NA PORCENTAGEM DE CASEÍNA E PRODUÇÃO DE QUEIJO FRESCAL

ANDRESSA BIANCA SILVA VERONEZI - UNIVERSIDADE DO OESTE PAULISTA - UNOESTE
LUCIANA MACHADO GUABERTO - UNIVERSIDADE DO OESTE PAULISTA - UNOESTE
DIANA DA SILVA ARAUJO - UNIVERSIDADE DO OESTE PAULISTA - UNOESTE
TELMA REGINATO MARTINS - UNIVERSIDADE DO OESTE PAULISTA - UNOESTE

O Brasil é o quarto maior produtor de leite do mundo e, em uma análise retrospectiva, a produção brasileira de leite nos últimos 25 anos aumentou 150%. O leite é composto por lactose, sais minerais, água, vitaminas, emulsão de gordura e suspensão coloidal de micelas de caseína ligada ao cálcio e fósforo. Os tipos mais frequentes de caseína no leite são: k-caseína (BB), ß-caseína (A^2A^2) e ß-lactoglobulina (AA). A biologia molecular vem tendo grande importância econômica através da identificação de genes polimórficos que codificam as principais proteínas do leite. O gene K-CN está relacionado com a produtividade e teores de proteína no leite. O objetivo desta pesquisa foi genotipar o gene K-CN em fêmeas do rebanho leiteiro da UNOESTE, e comparar com extrato seco e rendimento em caseína na produção de queijo minas frescal nas amostras de leite. Para identificação do gene foram avaliados 18 animais agrupados de acordo com sua raça (seis animais da raça Holandesa, seis animais da raça Girolando e seis animais sem raça definida), as amostras de sangue foram submetidas à extração do DNA pela técnica do Iodeto de sódio. O DNA isolado foi analisado quanto à presença e tipagem do gene K-CN utilizasando-se as técnicas de PCR e RFLP. A determinação de caseína pelo método de Kjeldahl, extrato seco e produção de queijo minas frescal foram realizados de acordo com Zenebon et al., 2008. Os resultados foram analisados utilizando análise de variância (ANOVA) seguida por teste de diferenças de médias de Tukey. Os resultados mostraram que o genótipo AB apresentou maior influência no rendimento de queijo frescal e na quantidade de produção de caseína entre as vacas leiteiras avaliadas (P=0,01). Esses resultados indicam que as variações genéticas para K-CN podem ser usadas para aplicação da seleção assistida por marcadores visando a produção de queijo frescal para os animais da raça Holandesa, Girolando e as vacas sem raça definida. UNOESTE.

Pesquisa (ENAPI)

Comunicação oral

UNIVERSIDADE DO OESTE PAULISTA - UNOESTE
CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
Genética

VINCULAÇÃO GENÉTICA COMO FERRAMENTA PARA TITULAÇÃO DAS TERRAS REMANESCENTES QUILOMBOLAS

CARLA COSTA GOMES - UNIVERSIDADE CATÓLICA DE PETRÓPOLIS - UCP
JOSEMAR VINICIUS MAIWORM ABREU SILVA - INSTITUTO NACIONAL DE METROLOGIA, QUALIDADE E TECNOLOGIA
RODRIGO GRAZINOLI GARRIDO - UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO DE JANEIRO - UFRJ
CAROLINA CONCEIÇÃO BOTTINO GRUSZKOWSKI - INMETRO/PCERJ
ANA LUCIA CARDOSO ALVES - UNIVERSIDADE FEDERAL DO ESTADO DO RIO DE JANEIRO - UNIRIO

O objetivo deste trabalho foi comprovar o histórico de endogamia, as relações de parentesco e ancestralidade dos moradores do Quilombo da Tapera (RJ), com o intuito de facilitar o processo de titulação das terras em que vivem. Com essa finalidade foi construída a árvore genealógica da população, além de estudos de short tanden repeats autossômicos (STRs) e Y-STRs (STRS presentes no cromossomo Y). Participaram do trabalho 47 voluntários moradores da comunidade que forneceram documentação legal para a construção da árvore genealógica e amostras de mucosa oral para os estudos genéticos. A genealogia demonstrou que todos os moradores nascidos no quilombo descendem dos indivíduos 1 e /ou 47, atestando o histórico de endogamia. Os vínculos genéticos descritos entre os participantes foram confirmados e a análise de ancestralidade sugere que durante a sua formação, a comunidade contou com indivíduos de origem africana, além de indivíduos com origem em homens europeus. CNPq