

PALESTRANTES



Rheumatoid Arthritis: DNA, expression and regulation - different approaches for a multifactorial disease

Chies, J.A.B¹.

¹Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Genetics Department

jabchies@terra.com.br

Keywords: arthritis, immunogenetics, multifactorial diseases

Rheumatoid Arthritis (RA) can be considered as a typical multifactorial disease, where environmental factors can trigger the development of clinical symptoms in a genetically predisposed individual. Genetic studies are not a novelty in RA patients, although only the evaluation of DNA polymorphic variants is not enough to determine how and when a given individual will develop RA. Thus, a variety of methodological approaches is being used in order to provide data that could help the understanding of such disease. During this round table we will discuss the different approaches that are being used in our laboratory in an attempt to characterize RA patients. We will present some classical molecular data (DNA polymorphisms, frequencies and genetic diversity associated to different human populations) as well as data on cytokine profile and peripheral cell subpopulations (measured by cytometric bead arrays as well as by flow cytometry techniques) in patients under different medical regimens. Comparing data obtained from different RA cohorts will enable us to observe that sometimes, independently of the geographic region of origin, different human populations will behave similarly. Also, we will bring out to the discussion the huge ethnic diversity of the Brazilian population, pointing out advantages and disadvantages of this admixture in terms of the identification of genetic factors associated to disease susceptibility.

Financial Support: CNPq and FAPERGS.

Uma visão sobre o melhoramento de milho para o Nordeste do Brasil

Pacheco, CAP¹.

¹Embrapa Milho e Sorgo, baseado na Embrapa Tabuleiros Costeiros, Av. Beira Mar 3250, caixa postal, 49 – Aracaju, SE
cleso.pacheco@embrapa.br

O que se pretende aqui é fazer uma breve caracterização das condições edafoclimáticas, da história e das contribuições do melhoramento de milho para o desenvolvimento da região Nordeste, com enfoque no Agreste, na transição do Agreste com o Sertão e nos Tabuleiros Costeiros. Mesmo com a forte influência dos fatores climáticos, sócio-econômicos e culturais sobre a agropecuária, a crescente adoção de tecnologia pelos agricultores nordestinos tem provocado fortes mudanças no agronegócio com reflexos nos fatores sócio-econômicos e culturais. Em parte da região Nordeste, nos ambientes abrangidos pelos Tabuleiros Costeiros, Agreste, pela transição Agreste/Sertão e até do que se poderia chamar de baixo sertão, a cultura do milho deixou de ser uma boa opção de cultivo para se tornar uma monocultura onde os plantios se iniciam no final do mês de abril para dar origem à terceira safra, que é colhida na época em que no sudeste está sendo semeada a primeira safra. Principalmente no baixo sertão ou “sertão agrícola”, onde o período chuvoso é mais curto, onde as chuvas são mais bem distribuídas quatro fatores são determinantes para a redução do risco de frustração de safra e obtenção de altas produtividades: o plantio no início da estação chuvosa, a mecanização agrícola, o uso de fertilizantes e a adoção de híbridos simples adaptados e de alto potencial produtivo. É provável que as pesquisas coordenadas pelas Unidades de Pesquisa da Embrapa, localizadas nos Tabuleiros Costeiros, no Semiárido e no Meio Norte, em parceria com as OEPAS e com os parceiros públicos e privados da Rede regional de avaliação de cultivares, com os objetivos de desenvolver, avaliar e disponibilizar os resultados sobre o desempenho de cultivares experimentais e comerciais de milho nas principais condições de cultivo do Nordeste, tenham sido o ponto de partida para todo esse desenvolvimento que hora se assiste. Os resultados obtidos, em conjunto com as orientações do zoneamento agrícola, possibilitam um maior aproveitamento do potencial genético dos materiais, diminuem os riscos da agricultura, aumentam a renda do agricultor comercial e a segurança alimentar dos que dependem da agricultura de subsistência e estimulam a chegada das empresas de sementes, de máquinas, de insumos agropecuários em toda a região, onde também começa a se fortalecer a indústria de rações, a avicultura e a suinocultura.

Genética, evolução e conservação da ictiofauna do nordeste brasileiro

Affonso, PRAM¹.

¹Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Dep. Ciências Biológicas, UESB, Jequié, BA

paulomelloaffonso@yahoo.com.br

Palavras-chave: Citogenética, Complexo de espécies, DNA, Peixes

O Brasil é um dos expoentes mundiais de estudos genéticos com peixes, o que é favorecido pela expressiva diversidade de espécies neotropicais e abundância de redes hidrográficas e extensão do território. Apesar dessa característica, muitas bacias do nordeste brasileiro permanecem pouco estudadas, com exceção da bacia do Rio São Francisco, e a real diversidade da ictiofauna regional ainda é incerta. A carência de informações sobre populações e espécies de peixes do nordeste brasileiro levou à visão equivocada de que a região abrigava baixos índices de endemismo e riqueza. Porém, nas últimas duas décadas, novas espécies vem sendo continuamente descritas com distribuição restrita aos rios de diferentes partes do nordeste brasileiro. Aparentemente, as características ambientais particulares como a ocorrência de rios intermitentes, grau de isolamento histórico entre bacias e eventos geológicos peculiares moldaram a evolução da fauna regional, resultando nos padrões de diversidade e distribuição atuais. Os poucos estudos genéticos realizados em espécies de peixes nas bacias hidrográficas do nordeste brasileiro reforçam que a região abriga expressivo número de formas endêmicas e diversidade genética acentuada. A maioria desses trabalhos envolve pesquisas com marcadores cromossômicos e se mostram particularmente úteis para a citotaxonomia. Em alguns casos, os dados citogenéticos mostram a existência de complexos de espécies, com diferenças expressivas entre populações do nordeste e demais regiões e compatíveis com eventos de especiação como observado em Characiformes (*Astyanax* spp., *Hoplias malabaricus*), Siluriformes (*Hypostomus* spp., *Callichthys callichthys*) e Perciformes (*Geophagus* spp.). Em outros casos, as análises cariotípicas mostram-se úteis para definir unidades evolutivas únicas e para ajudar na discriminação de espécies taxonomicamente problemáticas como verificado em Siluriformes e Gymnotiformes. Similarmente, os dados moleculares, ainda mais restritos que os cromossômicos, tem revelado altos índices de diversidade genética intra e interpopulacional, muitas vezes associados com a teoria de refúgios da glaciação durante o Pleistoceno. Além disso, os dados de sequências de DNA ou de marcadores moleculares tem mostrado maior diferenciação genética ao longo de bacias do que entre bacias vizinhas, o que pode ser explicado por eventos como captura de cabeceiras e pelo fato de que a maioria dos rios costeiros do nordeste perpassam por fisionomias altamente distintas e barreiras geográficas acentuadas desde a cabeceira até a foz. Com o avanço das pesquisas ictiofaunísticas e recentes associações com dados genéticos, tem se verificado que as bacias do nordeste brasileiro abrigam inúmeras espécies endêmicas e que maiores esforços para o conhecimento da diversidade de peixes devem ser implantados, uma vez que as ameaças às espécies são crescentes.

Apoio financeiro: FAPESB, UESB.

Citotoxicidade e genotoxicidade de produtos naturais

Ana Christina Brasileiro-Vidal, AC¹; Silvany de Sousa Araújo¹; Pedro Marcos de Almeida^{1,2}; Isis Raphaella M. R. dos Santos¹; Thaís Cristina C. Fernandes³; Yaliana T. Cardona³; Karina P. Randau¹; Andréa V. dos Santos¹; Karla Camila B. Santana¹; Ana Maria Benko-Iseppon¹; Maria Aparecida Marin-Morales³

¹Universidade Federal de Pernambuco, Recife, PE; ²Universidade Estadual do Piauí (UESPI/FACIME), Teresina, PI;

³Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Rio Claro, SP

brasileirovidal.ac@gmail.com

Keywords: Genotoxicidade, alterações cromossômicas, quebras no DNA.

As plantas medicinais têm sido a base para o tratamento de diferentes doenças, sendo considerada a principal fonte terapêutica para um grande número de comunidades e grupos étnicos. Algumas destas plantas podem proporcionar alternativas às drogas sintéticas, pois produzem metabólitos secundários, que são resultantes do metabolismo da planta e servem como base para a indústria farmacêutica. Por outro lado, apesar das vantagens terapêuticas, sabe-se que as plantas medicinais e seus produtos podem ter propriedades tóxicas, incluindo as de natureza cancerígena e mutagênica. Essas propriedades podem afetar processos vitais como a replicação e a transcrição gênica, bem como gerar alterações cromossômicas, levando a processos cancerosos e morte celular. Devido aos crescentes relatos dos efeitos adversos de tais produtos, as agências de regulação e supervisão em vários países têm exigido a realização de testes de segurança para plantas medicinais. O teste *Allium cepa* é um excelente modelo *in vivo*, onde as raízes crescem em contato direto com a substância de interesse (efluente, toxina, compostos químicos, etc.), permitindo prever possíveis danos ao DNA eucariótico. Os testes com cultura de células *in vitro*, por sua vez, avaliam o potencial de uma substância para induzir mutações pontuais, clastogênese e/ou aneugênese, utilizando linhagens celulares de mamíferos ou de culturas de células primárias humanas. Por meio desses testes preliminares é possível avaliar o potencial tóxico, citotóxico, genotóxico e mutagênico em nível cromossômico de qualquer substância com facilidade, rapidez, segurança e boa correlação com os resultados de estudos *in vivo*. Os resultados obtidos nesses sistemas *in vitro* direcionam os ensaios *in vivo*, gerando bases racionais para avaliação da necessidade de ensaio *in vivo*, a escolha do modelo animal mais adequado e o teste a ser empregado, para predição teórica dos resultados e o mecanismo envolvido. A partir do teste *A. cepa* foi mensurado o potencial citotóxico e genotóxico de diferentes extratos e do látex de *Jatropha gossypifolia* L., *Euphorbia hyssoipifolia* L. e *E. hirta* L. que apresentam propriedades medicinais e são utilizadas na medicina popular. Adicionalmente, testes com culturas de células humanas (HepG2) foram utilizados para determinar concentrações com potencial citotóxico e genotóxico no extrato etanólico de *E. hyssoipifolia*. Sendo assim, esses testes são imprescindíveis para determinar concentrações seguras para o uso de plantas medicinais, bem como para determinar concentrações que possam ocasionar alterações no DNA.

Apoio financeiro: CNPq e Fapepe

Diversidade e diferenciação genética da gimnosperma nativa *Podocarpus sellowii* em populações relictuais de Brejos de Altitude nordestinos

Dantas, LG¹; Esposito, T¹; Sousa, ACB²; Félix, L³; Amorim, LLB⁴; Benko-Iseppon, AM⁴; Batalha-Filho, H⁵; Pedrosa-Harand, A¹.

¹Departamento de Botânica, Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Recife, PE; ²Departamento de Biologia Celular e Molecular (DBCM), Universidade Federal da Paraíba, João Pessoa, PB; ³Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal da Paraíba, Areia, PB; ⁴Departamento de Genética, UFPE, Recife, PE; ⁵Instituto de Biologia, Universidade Federal da Bahia, Salvador, BA

andrea.pedrosaharand@pesquisador.cnpq.br

Podocarpus sellowii Klotz. (Podocarpaceae) é uma das poucas gimnospermas nativas do Brasil e a única nativa do nordeste. Atualmente está distribuída em apenas três populações nessa região, localizadas em enclaves de floresta úmida na caatinga, os chamados Brejos de Altitude. Supõe-se que esses brejos estejam isolados desde o Pleistoceno. Além desse isolamento, esses brejos são alvo de grande pressão antrópica e essas populações apresentam um número reduzido de indivíduos adultos, o que poderia ter como consequência uma baixa diversidade genética, tornando essas populações ameaçadas a longo prazo. O presente trabalho teve como objetivo investigar a diversidade e estruturação genética das populações nordestinas de *P. sellowii* a fim de avaliar a influência do isolamento histórico nas relações entre essas populações e propor estratégias de conservação. Para isso, foram genotipados indivíduos jovens e adultos das populações de Baturité, CE, Brejo dos Cavalos, PE e Itabaiana, SE, utilizando marcadores moleculares do tipo microssatélites (SSR, *Simple Sequence Repeat*) e *Inter Simple Sequence Repeat* (ISSR). Ambos os marcadores revelaram uma baixa diversidade nas populações analisadas e uma elevada diferenciação principalmente da população de Baturité em relação às demais, sugerindo perda de conectividade entre as populações em diferentes períodos, possivelmente durante o Pleistoceno. Medidas que visem ampliar a variabilidade genética das populações, tais como plantio de mudas geneticamente distintas, são necessárias. Entretanto, é preciso levar em consideração a diferenciação observada entre as populações.

Apoio financeiro: CNPq, CAPES, PROPESQ-UFPE

Genetic engineering applied for human and veterinary health: a decade of experience of the LEMTE

Freitas, AC¹.

¹Laboratório de Estudos Moleculares e Terapia Experimental – LEMTE, Departamento de Genética, UFPE, Recife, PE.

antonio.freitas@pq.cnpq.br ; acf_ufpe@yahoo.com.br

Keywords: Bovine papillomatosis, Cervical cancer, Papillomavirus, Heterologous expression system, Vaccine

Speaking of genetic engineering is to characterize a set of processes that allow the manipulation of the genome of living organisms, with the consequent change in gene pool of each species. The practical purposes the use of this technique are large, involve the control and elimination of diseases in humans and other animals, and in plants. Therefore, there is no doubt that through genetic engineering we now have highly promising technology for solving problems of varied nature. The LEMTE (Laboratory of Molecular Studies and Experimental Therapy) was established in 2005 and works among others with the development of vaccination strategies applied to the treatment and control of cervical cancer in humans and papillomatosis in cattle. The vaccine strategies addressed by our group are: subunit vaccines and DNA vaccines. In the case of a subunit vaccine strategy, the LEMTE working with different cell systems for heterologous gene expression, such as: i) mammals; ii) parasite; iii) yeasts and iv) bacteria. As for the case of DNA vaccines, our group evaluated are novel genes and genetic constructs for vaccine immunization, as well as new routes of immunization. At this conference some of what is genetic engineering and some of the results obtained by our group, when its application in the development of different vaccine strategies against papillomavirus will be presented.

Financial Support: CNPq, FACEPE, PPSUS(Laboratório de Estudos Moleculares e Terapia Experimental) foi criado em 2005 e trabalha entre outros assuntos com o desenvolvimento de estratégias vacinais aplicadas às papilomavíroses humanas e do gado. Estas estratégias são duas: vacinas de subunidades e vacinas de DNA. No caso da estratégia de vacinas de subunidades, o LEMTE trabalha com diferentes sistemas celulares para expressão gênica heteróloga, como: i) mamíferos; ii) parasito; iii) Leveduras e iv) bactérias. Já para o caso das vacinas de DNA, nosso grupo está avaliando novos genes e construções vacinais para imunização genética, bem como, novas rotas de imunização.

Suporte financeiro: CNPq, FACEPE, PPSUS

Engenharia genética aplicada à saúde humana e veterinária: uma década de experiência do LEMTE

Freitas, AC¹.

¹Laboratório de Estudos Moleculares e Terapia Experimental – LEMTE, Departamento de Genética, UFPE, Recife, PE.
antonio.freitas@pq.cnpq.br ; acf_ufpe@yahoo.com.br

Palavras-chave: Papilomatose bovina, Cancer cervical, Papilomavírus, Sistema de expressão heterólogo, Vacina.

Falar de engenharia genética é caracterizar um conjunto de processos que permitem a manipulação do genoma de organismos vivos, com a consequente alteração do pool genético de cada espécie. Os objetivos práticos do uso desta técnica são grandes e envolvem o controle e eliminação de doenças humanas, de outros animais e de plantas. Portanto, não resta dúvida de que através da engenharia genética passamos a dispor de tecnologia altamente promissora para a solução de problemas de natureza variada. O LEMTE (Laboratório de Estudos Moleculares e Terapia Experimental) foi criado em 2005 e trabalha entre outros assuntos com o desenvolvimento de estratégias vacinais aplicadas às papilomaviroses humanas e do gado. Estas estratégias são duas: vacinas de subunidades e vacinas de DNA. No caso da estratégia de vacinas de subunidades, o LEMTE trabalha com diferentes sistemas celulares para expressão gênica heteróloga, como: i) mamíferos; ii) parasito; iii) Leveduras e iv) bactérias. Já para o caso das vacinas de DNA, nosso grupo está avaliando novos genes e construções vacinais para imunização genética, bem como, novas rotas de imunização.

Suporte financeiro: CNPq, FACEPE, PPSUS

Melhoramento do Feijão no Nordeste Brasileiro, Enfocando o Programa do Instituto Agrônômico de Pernambuco (IPA).

Costa, AF¹

¹Instituto Agrônômico de Pernambuco (IPA), Recife, PE

felix.antonio@ipa.br

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*, melhoramento genético, variedade.

O melhoramento de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) no Brasil remonta à década de 1930, tendo sido iniciado na Seção de Genética do Instituto Agrônômico de Campinas (SP) por C. A. Krug e J. B. Castro, seguido por L. A. Nucci que procurou reunir caracteres de resistência às moléstias em novas linhagens de interesse comercial. Entretanto, foram os professores O. A. Drummond e A. S. Muller que, trabalhando na Escola Superior de Agricultura e Veterinária, em Viçosa (MG), lançaram a primeira variedade, denominada “Mantuba”, fruto do cruzamento entre as variedades “Manteigão” e “Tubarão”. Na mesma época, na Estação Experimental de Agricultura de Belo Horizonte, Corrêa selecionou novas variedades de feijão. A grande contribuição ao melhoramento dessa cultura no Nordeste foi dada, a partir da década de 1960, pelos Institutos de Pesquisa e Experimentação Agropecuária, ligados ao Ministério da Agricultura, e, em alguns estados, por órgãos vinculados às Secretarias de Agricultura. Esses programas, em sua maioria, limitavam-se ao teste de variedades ou à seleção inter e intravarietal. Além disso, especialmente no Nordeste, essas instituições trabalhavam as culturas do feijão comum e do feijão macassar. Na Bahia, o Instituto de Pesquisa e Experimentação Agropecuária do Leste (IPEAL) e a Coordenação de Pesquisas e Extensão Rural dividiam áreas de atuação; no Maranhão, o IPEAN e a Missão Evangélica do Gurupi, em parceria, trabalharam os dois feijões; enquanto o IPEANE e o IPA desenvolviam programas independentes no estado de Pernambuco. O Setor de Feijão do IPEANE, coordenado pela pesquisadora Sara Krutman, teve uma relevante atuação no melhoramento dos feijões comum e macassar, selecionando e descrevendo inúmeras variedades, especialmente para a Zona da Mata nordestina. O IPEANE, em colaboração com o IPEACO, cujo programa era coordenado pelo Dr. Ricardo José Guazzelli, instalou uma rede de experimentação nos estados de Alagoas, Pernambuco, Paraíba, Rio Grande do Norte e Ceará, com variedades locais e introduzidas da Estação Experimental de Patos de Minas e de outras instituições. No IPA, o programa foi iniciado na década de 1960, dividido em quatro etapas, uma das quais a hibridação entre as melhores linhagens. Ensaios foram conduzidos em todas as regiões do Estado, envolvendo época de plantio, competição de variedades, uso de inoculantes, controle de pragas, densidade e espaçamento, adubação mineral e calagem. O programa de hibridação no IPA foi iniciado em 1966, sob a coordenado do Dr. Paulo Miranda, dessa forma, em 1974 foi lançada a primeira cultivar, denominada de IPA 74-19, seguida de mais 12 lançamentos (IPA 1, IPA 2, IPA 3, IPA 4, IPA 5, IPA 6, IPA 7, IPA 8, IPA 9, BR IPA 10, BR IPA 11 Brígida e Princesa). Depois de um longo período de poucos resultados, o programa foi retomado a partir de 2007, mantendo a hibridação das duas culturas (feijão comum e feijão-caupi), esperando-se para 2016 o lançamento de novas variedades. As prioridades atuais do programa do IPA são a resistência a fatores bióticos e abióticos, qualidade, tamanho e cor de grãos, rendimento e a manutenção e caracterização do Banco Ativo de Germoplasma (BAG).

Colaboração: Governo do Estado e Embrapa.

A área de Ciências Biológicas I na CAPES

Schrank, A.

Coordenador da CB I CAPES

06.bio1@capes.gov.br

Keywords: ciências biológicas, avaliação, CAPES

Após a avaliação trienal 2013 (AT2013-CBI) a CB I passou a ser composta por 61 PPGs, com atuação nas áreas de Genética (Humana, Animal, Vegetal e de Microrganismos), Biologia Geral (Comparada, Estrutural, Funcional, Toxinologia), Biologia Molecular, Biologia Celular, Biologia do Desenvolvimento, Bioinformática e Biologia de Sistemas. A produção científica de qualidade, aferida por parâmetros internacionais, e a participação dos discentes nesta produção são aspectos muito relevantes na avaliação dos Programas que compõem a CB I. Pelos dados da Trienal 2013 a área formou mais de três mil Mestres e Doutores (986 Doutores e 2.052 Mestres) com uma boa relação D:M (0,5). A média de orientadores do Núcleo Permanente (NP) foi superior a mil e foram publicados quase 12 mil artigos científicos sendo 48 % nos estratos B1, A2 e A1 e sendo 50% com participação discente. Estes números mostram a consolidação da área. Entretanto, 14 PPGs ainda não tem Doutorado e a área apresenta um número muito reduzido de Mestrados Profissionais (três). O Qualis da área tem evoluindo mas é necessário que os critérios para a sua definição sejam aprofundados. Claramente nesta etapa a qualidade deve ser ativamente buscada, em especial pelos PPGs consolidados. Assim, a adequação do FI nos estratos do Qualis, a utilização de parâmetros mais abrangentes e a utilização das citações como critério adicional são alguns dos tópicos que merecem discussão e evolução na CB I. No plano internacional da produção científica a área conta com participação importante mas que deve ser consolidada. As áreas de inserção da CB I são muito competitivas e necessitam de infraestrutura de laboratórios que envolve quantidade significativa de recursos. Existe forte dependência de financiamento nacional e os grupos de pesquisa deverão realizar um esforço importante na busca de recursos e parcerias internacionais. O Programa PNPD-CAPES impactou muito positivamente a área com a possibilidade de fixação e de atração, a curto prazo, de egressos. Entretanto, é muito evidente a necessidade, especialmente nas Universidades, da Pós-graduação ser melhor contemplada nas definições de políticas de contratação de Docentes e técnicos e no estabelecimento de grupos de pesquisa. Os Programas de Internacionalização tem produzido forte efeito indutor nos PPGs da CB I em especial na vinda mais frequente e por intervalos maiores de tempo de pesquisadores de fora do país com carreiras consolidadas. Entretanto, deve ser enfatizada a importância da atração de estudantes e de jovens pesquisadores de fora do Brasil. Para tal, é necessário que os PPGs e as Instituições estejam mais voltados para essas possibilidades e que disponham de melhores condições de infraestrutura e cursos em língua estrangeira para receber estudantes de fora do país. Da mesma forma aspectos da internacionalização, de maior envolvimento dos PPGs de excelência com os PPGs ainda não consolidados e de envolvimento com os níveis básicos da educação devem ser aprofundados e melhorados.

Financial Support: não aplicavel

Ensaio de genotoxicidade com animais aquáticos

Rocha, CAM¹.

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Pará, IFPA, Belém, PA

carlos.rocha@ifpa.edu.br; camrocha@hotmail.com

Palavras-chave: Mutagenicidade, ensaio cometa, micronúcleos, peixes

Ao longo dos séculos, desde o surgimento das sociedades humanas, ocorreram focos localizados de contaminação ambiental. Porém, nunca na escala global que testemunhamos hoje. Praticamente, todos os ambientes do planeta sofrem variados graus de contaminação. Por outro lado, os ambientes aquáticos geralmente são o destino final dos contaminantes de origem antrópica e as contaminações crônicas favorecem a bioacumulação e a biomagnificação de materiais não biodegradáveis. Em diversos ecossistemas aquáticos no Brasil, as espécies nativas são muitas vezes diretamente ameaçadas por sua exposição aos agentes de veiculação hídrica, ou, indiretamente, através de uma cadeia alimentar contaminada. Muitos dos contaminantes são potencialmente genotóxicos, como os hidrocarbonetos policíclicos aromáticos (HPAs), organo-halogenados e metais pesados. Considera-se genotóxico o agente físico, químico ou biológico com a capacidade de causar dano ao DNA de organismos a ele expostos. Caso um dano na molécula de DNA não seja reparado no momento da replicação celular e seja passado para as gerações celulares seguintes, seu agente causal também será considerado mutagênico. Para melhor compreender os efeitos de xenobiontes nos ecossistemas, são realizados bioensaios com a utilização de biomarcadores (entidades que podem ser medidas experimentalmente e indicam a ocorrência de uma determinada função normal ou patológica de um organismo ou uma resposta a um agente). Em bioensaios de genotoxicidade e biomonitoramento *in situ* com organismos aquáticos, as análises genotóxicas mais comumente realizadas incluem o teste de aberrações cromossômicas, teste de trocas entre cromátides-irmãs, teste do micronúcleo e ensaio cometa. O teste do micronúcleo, por exemplo, que foi desenvolvido por Schmid, em 1975, usando células da medula óssea de mamíferos, tem sido aplicado extensivamente para testar a genotoxicidade de compostos químicos. Excelentes resultados têm sido obtidos com esse teste em diferentes bioindicadores (como invertebrados, peixes e anfíbios) no monitoramento de áreas contaminadas. Além de micronúcleos típicos, resultantes de efeitos clastogênicos (quebra de cromossomos) ou de efeitos aneugênicos (segregação cromossômica anormal), o teste pode detectar alterações morfológicas nucleares. O ensaio cometa, por sua vez, é uma técnica rápida e sensível de análise e quantificação de danos (quebras) no DNA de células individuais. Assim, é usada na pesquisa de câncer, avaliação de genotoxicidade e efetividade da quimioprevenção. A imagem que é obtida lembra um “cometa” com cabeça e cauda distintas. Esta técnica foi desenvolvida por Östling e Johansson em 1984, porém Singh e colaboradores (1988) a modificaram como o ensaio cometa alcalino, como é executada atualmente.

Use of diazotrophs in increased tolerance to drought stress in red rice, through changes in the pattern of gene expression of plant

Meneses, CHSG¹.

¹Universidade Estadual da Paraíba/CCAA/Departamento de Agroecologia e Agropecuária/Programa de Pós-Graduação Ciências Agrárias - UEPB, 58.429-500, Campina Grande-PB.

carlos@ccaa.uepb.edu.br

Keywords: *Oryza sativa* L., *Gluconacetobacter diazotrophicus*, Mitigation, Water Stress, RT-PCR

This work showed that an inoculation of *Gluconacetobacter diazotrophicus* plant growth-promoting bacterium (PGPB) strain PAL5, termed as GD for short, was a promising stress alleviate agent. The present study investigated its effect on drought tolerance in red rice plants. After withholding watering for 15 days, GD-treated red rice plants had much darker green leaves and substantially lighter wilt symptoms than control plants. Compared to the control, the GD treatment decreased the leaf monodehydroascorbate (MDA) content and relative electrical conductivity by 40% and 15%, respectively; increased the leaf proline content and the root recovery intension by 3.45-fold and 50%, respectively; and also maintained the leaf chlorophyll content in red rice plants under drought stress. Besides, in relation to the control, the GD treatment significantly enhanced the superoxide dismutase (SOD) activity and mitigated the drought-triggered down-regulation of the expression of the genes cAPX, rbcL, and rbcS encoding cytosolic ascorbate peroxidase, and ribulose-1,5-bisphosphate carboxy/oxygenase (Rubisco) large and small subunits, respectively, in red rice leaves. However, 1-aminocyclopropane-1-carboxylate (ACC) deaminase activity was undetected in none of the culture solutions of GD strain PAL5. These results indicated that GD conferred induced systemic tolerance to drought stress in red rice plants, by protecting plant cells, maintaining photosynthetic efficiency and root vigor and increasing some of antioxidant activities, without involving the action of ACC deaminase to lower plant ethylene levels.

Financial Support: CNPq Universal – MCTI N° 14/2013 and UEPB

Bioinformatics tools applied in annotation of bacterial genomes

Meneses, CHSG¹.

¹Universidade Estadual da Paraíba/CCAA/Departamento de Agroecologia e Agropecuária/Programa de Pós-Graduação Ciências Agrárias - UEPB, 58.429-500, Campina Grande-PB.

carlos@ccaa.uepb.edu.br

Keywords: Prokaryotic genome, functional genomics, *de novo* genome assembly, computational biology, Databases and computational tools

The multiplex capability and high yield of current day DNA sequencing instruments has made bacterial whole genome sequencing a routine affair. Prokaryotic genome sequencing deals with a large number and different type of data. It requires a bioinformatics and Biological expertise to carry on genome assembly and annotation, these actions involve the use of a number of specific software executed in a pipeline mode. The Genome Tools is a Bioinformatics platform developed to support *de novo* genome assembly and annotation handling data from Sanger and/or parallel sequencing. It support several users, integrates, stores and retrieves data from databases in a friendly web interface. The systems are composed by three integrated modules: 1. Sequence Submission Module; 2. Genome Assembly Module and; 3. Genome Annotation Module. The systems can handle multiple projects and annotations. The systems was developed using PHP, PERL, JAVA, and JAVA scripts program languages; BIOPERL library; HTML, and CSS structured texts; MYSQL database manager; APACHE web server; and the Bioinformatics software PHRED/PHRAP/CONSED, GLIMMER, RBSFINDER, TRNASCAN, and BLAST. The systems allow retrieving sequences in FASTA format or view quality color schema and contigs of any assembly in FASTA or GENBAK formats with annotation information. It is possible to update annotation for new imported sequences. Customized graphs in all modules allow users to view statistics and annotation information.

Financial Support: EMBRAPA Agrobiologia; CNPq Universal – MCTI N° 14/2013 and UEPB

Desvendando as relações entre os genes e expressão clínica das doenças: o caso do calazar

Carlos H N Costa, Vladimir C Silva, Bruno A Guedes, Daniela Lemos e Dorcas Lamounier.

Universidade Federal do Piauí.

O calazar, causado pelo protozoário *Leishmania infantum*, é quase sempre fatal quando não tratado; alguns pacientes evoluem com quadro habitual, não complicado, com febre, anemia, emagrecimento e aumento do fígado e do baço. Outros, entretanto, apresentam complicações como icterícia, edema, diarreia, pneumonite, lesão renal, que culminam com sangramentos irreversíveis e co-infecções bacterianas que levam à morte. Cerca de 40.000 mil casos ocorrem anualmente no mundo com cerca de 10% de mortes. No Brasil, a doença mata de 200 a 300 pessoas anualmente apesar de quase todos os que morrem receberem o tratamento específico. Não se compreende porque o quadro clínico se apresenta de modo tão diverso. A identificação das bases genéticas para a susceptibilidade à doença grave e os fatores de virulência responsáveis pela gravidade da doença podem identificar moléculas que sejam úteis para o desenvolvimento de novas drogas e vacinas. Foram realizados sete estudos para abordar o problema. Dois deles examinaram polimorfismos em genes do hospedeiro humano, um estudo observou as proteínas totais, dois estudos analisaram dois genes de *L. infantum* e um estudo analisa o genoma completo de isolados do parasita. Os alelos do gene humano *MBL-2* que resultam em elevados níveis da proteína da fase aguda lectina ligante da manana estão associados a doença mais grave. Hemorragias foram mais comuns em pacientes portadores do alelo T -509 de *TGF2*. O estudo de proteômica mostrou que as proteínas KMP-11, GP63, tryparedoxinas, HSP 70, 83-1, e cyclofilina A, entre outras, são importantes candidatas a fatores de virulência de *L. infantum*. Os genes ortólogos do fator de inibição de macrófagos (*MIFHLc1* e *MIFHLc2*) e o gene da N-acetylglucosamine-1-fosfatotransferase (*NAGT*) não apresentam polimorfismos a despeito da gravidade da doença, não se constituindo em fatores de virulência. Finalmente, análise do genoma global revelou 1.322 (um mil trezentos e vinte e duas) mutações em genes, entre SNPs, deleções e inserções. A análise de associação dessas mutações com os desfechos graves revelou que 65 genes podem estar diretamente envolvidos como fatores de virulência com o valor de p de triagem de $p \leq 0.07$. As análises para identificação dos genes estão em progresso. Dois fatores de susceptibilidade do hospedeiro humano a doença grave foram identificados, dois fatores de virulência foram definitivamente excluídos e vários candidatos por análise proteômica e genômica global foram identificados.

Uma visão sobre o melhoramento de milho para o Nordeste do Brasil

Cleso Antônio Patto Pacheco¹

O que se pretende aqui é fazer uma breve caracterização das condições edafoclimáticas, da história e das contribuições do melhoramento de milho para o desenvolvimento da região Nordeste, com enfoque no Agreste, na transição do Agreste com o Sertão e nos Tabuleiros Costeiros. Mesmo com a forte influência dos fatores climáticos, sócio-econômicos e culturais sobre a agropecuária, a crescente adoção de tecnologia pelos agricultores nordestinos tem provocado fortes mudanças no agronegócio com reflexos nos fatores sócio-econômicos e culturais. Em parte da região Nordeste, nos ambientes abrangidos pelos Tabuleiros Costeiros, Agreste, pela transição Agreste/Sertão e até do que se poderia chamar de baixo sertão, a cultura do milho deixou de ser uma boa opção de cultivo para se tornar uma monocultura onde os plantios se iniciam no final do mês de abril para dar origem à terceira safra, que é colhida na época em que no sudeste está sendo semeada a primeira safra. Principalmente no baixo sertão ou “sertão agrícola”*, onde o período chuvoso é mais curto, onde as chuvas são mais bem distribuídas quatro fatores são determinantes para a redução do risco de frustração de safra e obtenção de altas produtividades: o plantio no início da estação chuvosa, a mecanização agrícola, o uso de fertilizantes e a adoção de híbridos simples adaptados e de alto potencial produtivo. É provável que as pesquisas coordenadas pelas Unidades de Pesquisa da Embrapa, localizadas nos Tabuleiros Costeiros, no Semiárido e no Meio Norte, em parceria com as OEPAS e com os parceiros públicos e privados da Rede regional de avaliação de cultivares, com os objetivos de desenvolver, avaliar e disponibilizar os resultados sobre o desempenho de cultivares experimentais e comerciais de milho nas principais condições de cultivo do Nordeste, tenham sido o ponto de partida para todo esse desenvolvimento que hora se assiste. Os resultados obtidos, em conjunto com as orientações do zoneamento agrícola, possibilitam um maior aproveitamento do potencial genético dos materiais, diminuem os riscos da agricultura, aumentam a renda do agricultor comercial e a segurança alimentar dos que dependem da agricultura de subsistência e estimulam a chegada das empresas de sementes, de máquinas, de insumos agropecuários em toda a região, onde também começa a se fortalecer a indústria de rações, a avicultura e a suinocultura.

Contribuições da Genética para o Sistema Único de Saúde

Ayres, CFJ¹.

¹Centro de Pesquisas Aggeu Magalhães/FIOCRUZ-PE

tans@cpqam.fiocruz.br

Palavras-chave: Genética, saúde, complexo industrial, desenvolvimento econômico.

A área de saúde avançou muito nas últimas décadas e vem desempenhando cada vez mais um importante papel no crescimento econômico do país, diferente da visão que se tinha há muitos anos em que a saúde representava um ônus para o governo. Grande parte das inovações tecnológicas no campo da saúde tem uma contribuição substancial da genética. Segmentos do complexo industrial da saúde como a produção de vacinas, kits de diagnóstico, insumos e drogas e serviços de saúde dependem das novas ferramentas moleculares desenvolvidas no âmbito da genética. Neste contexto, pretendo discutir o impacto da produção científica na área de saúde sobre o Sistema Único de Saúde (SUS), e levantar questões como a forma que o conhecimento científico deve ser direcionado para atender as atuais necessidades do SUS e contribuir para o crescimento econômico do país assim como na melhoria da qualidade de vida das pessoas.

Utilização de bactérias lácticas como vetores vacinais

Pontes, DS¹.

¹Centro de Ciências Biológicas e Sociais Aplicadas, UEPB, João Pessoa/PB

danisp_bio@yahoo.com.br

Palavras-chave: bactérias lácticas, vacinas

As bactérias lácticas, amplamente utilizadas na indústria alimentícia, estão presentes no intestino da maioria dos animais, incluindo humanos. A utilização e o potencial dessas bactérias como veículos para vacinas de mucosa vem sendo intensivamente pesquisado. A bactéria láctica modelo *Lactococcus lactis* é um potencial candidato para produção de proteínas heterólogas com potencial médico ou tecnológico e para a entrega de plasmídeos às células eucarióticas. Vários sistemas vêm sendo desenvolvidos para a produção de proteínas heterólogas em diferentes localizações celulares (citoplasma, parede celular e meio extracelular) e mais recentemente para transferência de DNA para células eucarióticas. O minicurso tem como proposta apresentar a utilização de *L. Lactis* para produção de vacinas seja para expressão de proteínas recombinantes em sistemas heterólogos ou como vetores de entrega de vacinas de DNA, apresentando os sistemas já desenvolvidos e os resultados de algumas dessas pesquisas.

Biochemical and molecular aspects of xylanase produced by bacteria isolated from Northeastern sugarcane field

Padilha, IQM¹; Valenzuela, SV²; Grisi, TCSL¹; Diaz, P²; Pastor, FIJ²; Araújo, DAM¹.

¹Center of Biotechnology, Federal University of Paraíba, João Pessoa, PB, Brazil; ²Faculty of Biology, University of Barcelona, Barcelona, Spain.

demetrius@cbiotec.ufpb.br

Keywords: Sugarcane field, Xylanase, GH30, *Paenibacillus favisporus*

Xylan is an abundant component of plant cell wall as the major component of hardwood hemicelluloses. Biodegradation of xylan is a complex process that requires the coordinated activity of several enzymes, among which xylanases (EC 3.2.1.8), which catalyze the hydrolysis of internal linkages in the β -1,4-xylose backbone of the polymer. Xylanases are produced by a variety of different microorganisms, including fungi, bacteria and protozoa. They are currently used in a wide range of industrial applications, such as food and textile industries, in wastewater management and in pulp bleaching. The soils of the Brazilian Atlantic tropical region are considered a source of new microorganisms due to the great biodiversity of these habitats, which include lignocellulolytic bacteria belonging to phylum Proteobacteria, Actinobacteria, and Firmicutes. The diversity of microorganisms present in soils is a notable source of industrial enzymes such as cellulases, xylanases and amylases. A total of 55 isolated bacteria from sugarcane plantation fields in Brazil were tested for cellulase and xylanases production during the initial screening. A new xylanolytic strain, *Paenibacillus favisporus* CC02-N2, showed a xylan degrading system with multiple enzymes. One of them, xylanase Xyn30A, was identified and characterized. The enzyme is a single domain xylanase belonging to family 30 of glycosyl hydrolases (GH30). Xyn30A shows high activity on glucuronoxylans, but it does not hydrolyze arabinoxylans. The three-dimensional structure of Xyn30A is comprised of a common $(\beta/\alpha)_8$ barrel linked to a side-associated β -structure, similarly to characterized GH30 xylanases. Hydrolysis products from glucuronoxylan were methylglucuronic acid-substituted xylooligomers, which have been proposed as emerging prebiotics, as they have shown to selectively stimulate the growth of probiotic microorganisms. The enzyme bound to insoluble xylan while it did not bind crystalline cellulose. Xyn30A may play a specific role in xylan biodegradation in natural habitats and is a good candidate for the production of tailored xylooligosaccharides for food industry and for biotechnological transformation of biomass.

Financial Support: CNPq, CAPES, Spanish Ministry of Science and Innovation, and Agència de Gestió d'Ajuts Universitaris i de Recerca (AGAUR) from Generalitat de Catalunya (Spain).

A diversidade genética das populações de *Dyckia* (Bromeliaceae) ocorrentes nos afloramentos rochosos do Planalto da Borborema, Pernambuco, Brasil

Pinangé, DSB¹.

¹Universidade Federal de Pernambuco, UFPE, Recife, PE

diegosotero@gmail.com

Palavras-chave: Pitcairnioideae, Floresta Atlântica, Planalto da Borborema, variabilidade genética, evolução, marcadores moleculares

O gênero *Dyckia* Schult & Schult.f. (Pitcairnioideae, Bromeliaceae) compreende aproximadamente 150 espécies, de natureza xerofítica/rupícola, e caracteriza-se por apresentar uma considerável variação morfológica e ocorrência de micro-endemismos, com cerca de 80% de sua ocorrência no território brasileiro. Na Floresta Atlântica, situada ao norte do Rio São Francisco, os enclaves úmidos (ou ilhas continentais) denominados Brejos de Altitudes, desempenham um papel significativo na dinâmica da diversidade local da fauna e flora devido às particularidades quanto a umidade e microclimas. Os estudos filogenéticos (morfológicos e moleculares) prévios apontaram o monofiletismo no grupo, todavia, com relações inter-específicas ainda não esclarecidas. Assim, as análises populacionais no grupo tiveram como objetivo primordial revelar os primeiros *insights* nas populações de *Dyckia* nos brejos pernambucanos. Para tal, foram desenvolvidos primers de microssatélites e aplicados em populações de *Dyckia pernambucana* e *D. limae* ocorrentes nos Brejos de Altitude do Planalto da Borborema (Pernambuco, Brasil), bem como, populações de *D. dissitiflora*, localizadas na região da Chapada Diamantina, totalizando 87 indivíduos. Assim, dados acerca da variabilidade genética e padrões de fluxo gênico, foram obtidas, mediante uso dos marcadores de microssatélites (nucleares e plastidiais) e AFLP (*Amplified Fragments Length Polymorphisms*). As inferências filogenéticas confirmaram o monofiletismo do grupo, com topologia com baixo suporte nos nós mais basais e por outro lado, elevado suporte na maioria dos nós terminais do dendrograma, especialmente no clado do grupo dos brejos. Desta forma, o padrão genético/geográfico encontrado corroborou as hipóteses biogeográficas e de irradiação recente, no grupo. A associação dos marcadores revelaram níveis de variabilidade consideráveis para as populações de Pernambuco, provavelmente modeladas por deriva genética, apresentando acentuada riqueza alélica e haplotípica, quando comparadas a outros trabalhos populacionais em Bromeliaceae. Os dados de diferenciação genética revelaram estruturação populacional acentuada, com definida separação entre as populações de *D. dissitiflora* e do Grupo Pernambuco. Adicionalmente, os dados moleculares em conjunto com os morfológicos não puderam estabelecer a separação de *D. limae* das demais populações de *D. pernambucana*, sugerindo que este grupo Pernambuco é composto por apenas uma espécie.

Apoio Financeiro: FACEPE & CAPES

Importância do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar (*saccharum spp.*) da RIDESA

Simões Neto, DE¹.

¹Universidade Federal Rural de Pernambuco – UFRPE, Estação Experimental de Cana-de-açúcar de Carpina, PE – EECAC

desn@oi.com.br

Palavras-chave: Melhoramento Genético, Cana-de-açúcar, Obtenção de Variedades RB.

A obtenção de novas variedades de cana-de-açúcar representa um dos fatores que mais contribui para o aumento da produtividade. Para isto, a RIDESA vem ofertando diversas alternativas (variedades precoces, médias e tardias) para os diversos ambientes agroecológicos do Brasil, proporcionando níveis adequados de produtividade com variedades RB liberadas pela RIDESA, além de sempre buscar genótipos mais resistentes a pragas e doenças. Como resultado, constatou-se nas últimas safras que a tecnologia “variedades RB” vêm sendo crescentemente adotada pelos agricultores canavieiros no Brasil, presentes hoje em mais de 60% dos canaviais brasileiros, o que representa uma área de cerca de 5,5 milhões de hectares. Atualmente o acervo varietal da RIDESA consta com 78 variedades com aptidões de cultivo para todo o Brasil. A Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético, e formada atualmente por dez Universidades Federais (UFRPE, UFAL, UFS, UFV, UFRRJ, UFSCar, UFG, UFMT, UFPR, UFPI). A Rede atua em nível nacional e, hoje, é o principal núcleo de pesquisa canavieira no âmbito do Governo Federal. Praticamente todo aspecto tecnológico necessário à produção e industrialização da cana-de-açúcar tem respaldo na equipe multidisciplinar de pesquisadores da RIDESA. Na obtenção de variedades RB, a RIDESA tem como ponto de partida o banco de germoplasma da Estação de Floração e Cruzamento Serra do Ouro, situada em Murici - Alagoas (09°13'S; 35°50'W; 515m de altitude), por sua localização e clima privilegiados, permite o florescimento natural e profuso da cana-de-açúcar necessário para a realização de hibridações previamente planejadas pelos pesquisadores das Universidades da RIDESA. Essa base de pesquisa teve sua origem em 1967, quando o Sindicato da Indústria do Açúcar no Estado de Alagoas implantou a primeira coleção de genótipos de cana, realizando as primeiras hibridações para as seleções das variedades RB. De 1971 a 1989 o banco passou para o âmbito do IAA-PLANALSUCAR, que nesse período liberou 19 variedades RB. A partir de 1990, a Serra do Ouro passou para a RIDESA, com gestão da Universidade Federal de Alagoas, e até o momento liberou 78 variedades RB. Neste segmento a RIDESA conta com outra Estação de Floração e Cruzamento de Devaneio com objetivo complementar as pesquisas da RIDESA para obtenção de variedades RB, situada na cidade de Amaraji - Pernambuco (08°19,8'S e 35°24'W, 514 m de altitude). A estratégia básica do PMGCA-RIDESA para obtenção de novas variedades RB baseia-se em cruzamentos de indivíduos superiores, que são realizados visando à seleção de genótipos que apresentem características vantajosas em produtividade agroindustrial e tolerância aos principais estresses - pragas, doenças, seca, geada, salinidade e florescimento. O desenvolvimento de técnicas de Biotecnologia vem recebendo prioridade em todos os países desenvolvidos. No caso da cana-de-açúcar, a RIDESA dispõe de laboratórios e pessoal habilitado para a melhor obtenção de material para plantio com menor incidência de doenças, através da cultura de meristemas. Além disso, conta com projetos em grande parte das IFES que estão buscando a obtenção de variedades melhoradas pela transgenia.

Desvendando respostas de plantas cultivadas a estresses abióticos ou bióticos com uso da técnica DeepSuperSAGE

Kido, EA¹; Benko-Iseppon, AM¹; Kahl, G².

¹Universidade Federal de Pernambuco, UFPE, Recife, PE; ²Goethe-Universität Frankfurt am Main

ederson.kido@gmail.com

Palavras-chave: Transcriptômica, bioinformática, RTqPCR

As plantas quando cultivadas nem sempre encontram condições favoráveis para expressar seus potenciais produtivos, estando sujeitas a estresses tanto de natureza abiótica, tais como seca e salinidade, ou biótica, como resultado de interações com patógenos. Identificar materiais elite portadores de maior tolerância a esses estresses é parte fundamental dos programas de melhoramento. A transcriptômica é ferramenta que possibilita o estudo da expressão de vários genes a partir de um mesmo ensaio. Das técnicas disponíveis para eucariotos, a DeepSuperSAGE, aprimoramento da técnica SAGE (*Serial Analysis of Gene Expression*), com aumento no tamanho da *tag* (para 26 pb), aliada com seqüenciamento de segunda geração (SuperSAGE), permite gerar perfis transcricionais compreensíveis, ao alcance de qualquer biólogo molecular, a partir do uso de ferramentas básicas de bioinformática, não requerendo montagens de seqüências. As *tags* funcionam como etiquetas qualitativas dos transcritos gerados, que uma vez quantificadas, e após testes estatísticos adequados, são classificadas em diferencialmente expressas (induzidas ou reprimidas) ou não, ao nível estudado, ao se comparar um contraste de bibliotecas sob estresse e sem estresse. A expressão diferencial da *tag* SuperSAGE, aliada a modulação da transcrição, definida como quantas vezes uma *tag* foi mais ou menos expressa na biblioteca sob estresse, em relação à respectiva freqüência na biblioteca controle, em conjunto com a anotação disponível ou não, de gene e/ou função gênica, permite selecionar alvos moleculares, que devidamente validados, usualmente por RTqPCR, são candidatos para uso como marcadores moleculares funcionais em seleção assistida ou para estudos futuros de sisgenia ou transgenia. Essa técnica tem sido aplicada com sucesso pelo grupo no estudo do feijão-caupi sob estresses abióticos (seca e salinidade) e bióticos (viroses CPSMV e CABMV), da soja (sob seca ou após infecção pelo fungo da ferrugem asiática da soja), e da cana-de-açúcar (sob seca e salinidade). Resultados enfocando o potencial e as limitações da técnica serão abordadas no presente encontro. Esta é uma opção para novos grupos de pesquisa, em especial aqueles que não dispõem de um bioinformata experiente no tratamento de seqüências advindas de seqüenciamento de alto desempenho ou de montagem dessas seqüências, dois grande gargalos que limitam as propostas em transcriptômica, ou da proposição da RNAseq, uma técnica mais abrangente e universal em transcriptômica. Nesse mesmo sentido, a técnica MACE (*Massive Analysis of cDNA Ends*), que proporciona *tags* maiores (ao redor de 100 pb), em seqüenciamento massivo na região 3'UTR, é uma alternativa recente, que alia a geração de padrões digitais de expressão gênica baseadas em *tags* ao potencial de identificação de SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) e de seqüências regulatórias. Essa técnica foi proposta no estudo de pinhão-mansinho sob estresse salino, visando gerar os perfis de expressão e conjuntamente desenvolver marcadores moleculares do tipo SNPs, estando o projeto em andamento.

Financiamento: CNPq, FINEP,

Genética de populações: aplicações na conservação e na utilização de recursos genéticos vegetais

Silva, EF¹.

¹Departamento de Biologia, UFRPE, Recife PE.

edson@db.ufrpe.br

Palavras-chave: Diversidade genética, Estrutura genética de populações, Parâmetros genéticos

Genética de Populações é a subárea da Genética que utiliza as frequências alélicas e genotípicas de amostras populacionais para obter parâmetros, os quais possibilitam entender os padrões de transmissão hereditária em grupos de indivíduos. Neste contexto, os genes e alelos (A, a, B, b, D, etc.) são analisados como propriedade das populações e não dos indivíduos, os quais são transitórios. Ressalta-se, entretanto, que todos os parâmetros utilizados em Genética de Populações são obtidos com base nas segregações cromossômicas da meiose que são precursoras das leis mendelianas. Essa subárea da genética surgiu de modelos matemáticos aplicados às regras mendelianas no período entre 1903 e 1930, tendo como precursores os pesquisadores W.E. Castle, G.H. Hardy e W. Weinberg, com decisivas contribuições de J.B.S. Haldane, R.A. Fisher e S. Wright, dentre outros. Atualmente, utilizando-se dados obtidos por meio de marcadores moleculares, é possível estimar a diversidade genética, tanto entre como dentro de populações, considerando-se diversos índices, tais como: heterozigosidade observada e esperada, número de alelos por loco, presença de alelos raros e de alelos exclusivos, proporção de locos polimórficos, além das medidas de distâncias genéticas. Também é possível obter parâmetros populacionais que permitem investigar sobre o sistema reprodutivo, índices de fixação e fluxo gênico, os quais possibilitam inferir sobre fatores ou eventos capazes de alterar a diversidade e a estrutura genética nas sucessivas gerações, sejam no espaço e/ou ao longo do tempo, e, portanto, influenciam decisivamente sobre a adaptabilidade das espécies. O atual crescimento demográfico tem tornado cada vez maior a demanda por alimentos e outros bens de consumo do agonegocio, acelera a expansão das áreas urbanas e, conseqüentemente, restringindo as áreas em que se encontram a diversidade biológica. Nessa condição de vulnerabilidade, encontram-se parentes silvestres das espécies cultivadas, inclusive do mesmo gênero, as quais constituem importantes reservatórios de genes de resistência a fatores bióticos e abióticos, os quais podem ser transferidos para as espécies cultivadas por hibridação seguida de retrocruzamentos. Este contexto exige que sejam tomadas medidas para minimizar as perdas de diversidade por erosão genética como os riscos de extinção de espécies, tanto as de interesse econômico como ecológico. Os parâmetros obtidos em Genética de Populações fornecem subsídios importantes para a adoção de medidas que visem à máxima preservação da diversidade genética por unidade de área e assim sejam conservados os recursos genéticos para as gerações futuras. Há consenso de que os conhecimentos gerados pela Genética de Populações constituem importantes subsídios para o uso racional, preservação e utilização sustentável dos recursos genéticos, inclusive possibilitam a adoção de estratégias apropriadas para o reflorestamento. As conclusões obtidas de tais estudos também permitem que se façam inferências sobre fenômenos evolutivos como seleção natural, hibridação e deriva genética, incluindo o efeito da fragmentação nas populações.

Genética na Escola: uma revista para o educador de Genética

Dessen, E¹.

¹Departamento de Genética e Biologia Evolutiva, Instituto de Biociências, Universidade de São Paulo, SP

embdesse@ib.usp.br

Palavras-chave: Ensino de Genética

Genética na Escola é uma publicação *on line* da Sociedade Brasileira de Genética dedicada ao educador na área de Genética (www.geneticanaescola.com.br). A revista se propõe a difundir experiências educativas, sejam elas práticas inovadoras ou enfoques metodológicos, a proporcionar reflexões sobre conceitos de Genética e a discutir os desdobramentos na tecnologia na qualidade de vida das populações e a divulgar materiais destinados ao trabalho em sala de aula. A periodicidade é semestral. Seus artigos são relacionados à área de ensino de Genética e Biologia Evolutiva nos níveis de educação básica e superior que se enquadre em uma de suas seis seções: Conceitos de Genética, Genética e Sociedade, Um gene, Investigações em Ensino de Genética, Na sala de Aula e Materiais Didáticos. A Genética na Escola também apresenta resenhas de livros, filmes, softwares e sites relacionados aos temas da Genética e Biologia Evolutiva. Geneticistas pesquisadores geralmente contribuem para as seções que tratam das ideias mais centrais da Genética e Biologia Evolutiva (Seção Conceitos) ou que relatam situações em que o conhecimento científico em Genética e Biologia Evolutiva têm desdobramentos na tecnologia, ou na indústria, na saúde, na natureza ou, de modo geral, na qualidade de vida das populações (Seção Genética e Sociedade). Também são de pesquisadores os artigos que contribuem para a divulgação de informações científicas sobre a natureza e o funcionamento de genes específicos e sobre a sua importância científica, tecnológica, histórica ou social (seção Um Gene). Por outro lado, os educadores de educação básica ou superior produzem artigos que relatam aulas ou sequências didáticas com a intenção de proporcionar a socialização e reflexão sobre iniciativas bem-sucedidas entre professores (Seção Na Sala de Aula). São frequentes artigos que divulgam materiais inéditos que sejam facilitadores de aprendizagem tais como jogos, atividades interativas presenciais ou virtuais, modelos etc. (Seção Materiais Didáticos). Finalmente, os pesquisadores em ensino de Genética utilizam-se da seção Investigações no Ensino para descrever concepções alternativas dos estudantes e avaliações formais de metodologias que favoreçam a aprendizagem em Biologia. Esta é a única seção cujos artigos apresentam-se redigidos no formato de publicação científica. Nas demais seções o grau de profundidade e a linguagem são apropriados para professores de Biologia, ou seja, não especialistas em Genética.

Suporte financeiro: Sociedade Brasileira de Genética

Ferramentas citomoleculares para estudos de genética vegetal

Costa, FR¹.

¹Instituto Nacional do Semiárido – INSA/MCTI, Campina Grande, PB

fabiane@insa.gov.br

Palavras-chave: citogenética, marcadores moleculares, diversidade genética, recursos genéticos vegetais, pré-melhoramento

A existência de variabilidade é condição fundamental para que ocorra o melhoramento de plantas e os recursos genéticos são potenciais fontes de características de interesse aos programas de melhoramento. A literatura destaca diversas possibilidades de uso de acessos conservados em coleções e bancos de germoplasma e também de espécies silvestres e afins. Porém, é preciso conhecer esse material e neste sentido, atividades de pré-melhoramento que busquem identificar características de interesse e a introgressão dessas aos programas de melhoramento devem ser realizadas. Diversas ferramentas disponíveis na pesquisa possibilitam a visualização de marcas em nível de DNA, o agrupamento de indivíduos geneticamente próximos e a separação dos mais distintos, dentre elas, técnicas de hibridização *in situ* fluorescente e o uso de marcadores moleculares. As informações geradas por estas técnicas são usadas na caracterização de coleções de germoplasma, na seleção de plantas individuais, no direcionamento de cruzamentos, dentre outros. Na hibridização *in situ*, destacam-se a FISH (*fluorescent in situ hybridization*) e a GISH (*genomic in situ hybridization*), que utilizam sondas marcadas com corantes fluorescentes que se ligam aos cromossomos, identificando-os par a par, ou ainda genomas distintos em um híbrido, ou sequências de DNA diferentes em um ou mais cromossomos, de acordo com o tipo de sonda utilizada. Embora sejam metodologias trabalhosas, são bastante informativas e muito utilizadas em estudos de genética vegetal. Os marcadores moleculares, por sua vez, podem ser definidos como qualquer fenótipo molecular oriundo de um gene expresso ou de uma sequência qualquer de DNA. Eles estão presentes em todas as partes da planta e não variam com as condições de ambiente. Em geral apresentam um alto grau de polimorfismo e por isso possibilitam a distinção de indivíduos e a identificação de eventuais duplicatas em uma coleção de germoplasma. Algumas aplicações no melhoramento de plantas: sinalização de genes de resistência a doenças e pragas, melhoramento de parentais de híbridos, introgressão gênica e seleção assistida, desenvolvimento de mapas genéticos, determinação de grupos heteróticos, testes de pureza genética, associação com caracteres quantitativos, estudos de interação genótipo-ambiente, dentre outros. Existem diversos tipos de marcadores moleculares, porém os mais comumente usados em estudos de diversidade genética são os obtidos por PCR, a saber: RAPD, AFLP, microssatélites, ISSR e SNP. Todos possuem vantagens e desvantagens, e por isso a escolha do marcador dependerá do material a ser analisado. Como regra geral, quanto menos conhecida e estudada for a espécie, mais “simples” poderá ser o marcador escolhido, uma vez que espera-se um maior grau de polimorfismo entre os indivíduos avaliados.

The use of uniparental molecular markers in historical genetics

Santos, FR¹.

¹Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG

fsantos@icb.ufmg.br

Keywords: Y chromosome, mtDNA, history, peopling of Americas

Uniparental markers have been used for more than two decades to investigate human population history. Even though recent genomic advancements allowed the use of many autosomal regions, uniparental genealogies still provide major clues about the human past. One of the most intriguing histories about the human past concerns the pre-Columbian settlement of Americas, which was investigated by many geneticists and other scientists using different approaches. Those studies generated alternative scenarios of settlement that should be reconciled with growing evidence produced with genetic, archaeological and morphological data. A consensus model was recently elaborated using uniparental genealogies and morphological evidence, claiming that most of genomic background of present native Americans would be derived from a major migration occupying Beringia in the end of Pleistocene that further expanded to colonize Americas. However, new alleles and phenotypes (facial characteristics) were brought from Asia through recurrent gene flow during Holocene. We present here new genetic evidence of uniparental markers indicating that this scenario is the most compatible with the current population structure, which allow us to reinterpret recent genomic evidence. New data of previously cryptic Y chromosome haplotypes were now detected with a significant number of new SNPs in a large native American sample that indicate minor but heterogeneous Y lineages that map their separate origins in Asia, from where could also originate the derived traits found in the skulls found in more recent native Americans.

Financial Support: CNPq, FAPEMIG, and National Geographic Society

Melhoramento do Algodoeiro herbáceo para o Semiárido

Farias, FJC^{1,2}.

¹Embrapa Algodão – Núcleo do Semiárido, Campina Grande- PB; ²UEPB- CCA, Campina Grande- PB

francisco.farias@embrapa.br

Palavras-chave: Cultivares, precocidade, qualidade de fibras, *Gossypium hirsutum* L.

A cultura do algodão é de grande importância social na região Nordeste em função do grande número de empregos gerados de forma direta e indireta. Atualmente, a produção em larga escala se concentra principalmente apenas na região de cerrado do Estado da Bahia que possui uma área plantada de 318.400 hectares. No semiárido nordestino, que se caracterizava por pequenas propriedades, com baixo nível tecnológico, a área plantada foi significativamente reduzida causando um grande impacto econômico na região. A constituição genética da cultivar é o principal fator que determina o tipo de fibra que será produzida. A fibra do algodão é classificada como média, longa e extralonga. A fibra extra longa é obtida apenas com cultivares oriundas do algodão “barbadense” conhecidos como GIZA no Egito, PIMA nos Estados Unidos, HAZERA em Israel e como TANGUIS e SUPIMA no Peru. Enquanto que a fibra longa é originária de cultivares de algodão herbáceo, mundialmente conhecidas como variedades Acala e Acala SJ. A indústria têxtil brasileira tem uma maior demanda por algodões de fibras médias. Por produzir um produto final de maior qualidade, os algodões de fibras longas possuem um preço diferenciado no mercado mundial. Na produção de algodão de fibras longas de alta qualidade é de fundamental importância que as condições de solo e clima sejam altamente favoráveis. Neste contexto, ao contrário da região do cerrado, onde ocorrem o aparecimento de várias doenças que afetam a produtividade, as condições dos perímetros irrigados da região semiárida do Nordeste são extremamente adequadas para produzir algodão de alta qualidade. A Embrapa Algodão possui um programa de melhoramento que visa a obtenção de cultivares de fibras médias e longas para as diversas regiões do País. Atualmente estão disponíveis novas cultivares produtivas e modernas para uso em condições de sequeiro e irrigado, com destaque para as cultivares convencionais BRS 286, BRS 335, BRS 336 e BRS 372. Em 2013 foram lançadas pela Embrapa Algodão as primeiras cultivares transgênicas: BRS368 RF, BRS 369 RF, BRS 370RF e BRS 371 RF que conferem tolerância ao herbicida glifosato. Esses materiais já se encontram disponíveis para plantio pelos produtores de algodão. Considerando que as áreas do Semiárido com potencial de irrigação podem ser melhor aproveitadas com o plantio de algodão de fibra longa de preço e qualidade superior, pretende-se nesta fase do programa disponibilizar aos produtores novas cultivares de fibra longa e com isso propiciar um maior aproveitamento da indústria têxtil da região e conseqüentemente gerar mais emprego e renda contribuindo para o combate à desertificação e convivência com a seca na região Nordeste.

Suporte financeiro: Embrapa Algodão

Genetic association studies: From experimental design to data analysis

De Azevêdo Silva, J¹.

¹Laboratório de Imunopatologia Keizo Assami – LIKA, Universidade Federal de Pernambuco – UFPE, PE

j.azvedo@gmail.com

Keywords: Genetic association, SNPs, Epidemiology.

The Human Genome Project provided a great amount of information identifying single nucleotide polymorphisms (SNPs). SNPs are single variants characterized by occurrence over 1% within a population and for its often bit paired presentation. These single variants are quite frequent across the genome and over 1.4 million SNPs have been identified so far. The SNPs may vary their occurrence according to the tested population and represent strong candidates for disease's susceptibility. Recent discoveries of potentially causal SNPs for diseases with complex traits hold great promise and genomics in personalized medicine has already begun. The genetic testing benefits patients and their families and may encourage lifestyle changes and guide clinical decisions for physicians and patients. Therefore, genetic association studies are performed to determine whether genetic variants are associated with disease and case-control model is the most frequently used. Importantly, it may be used to assess the influence these SNPs on drug response in patients by correlating to gene expression with drug absorption, distribution, metabolism and elimination, as well as drug receptor target effects. In this mini-course we will consider association studies using the case-control model, focusing on study design, SNP selection tools and parameters, statistical analysis, methods and finally interpretation of results.

Financial Support: All the research in our laboratory is funded by the following supporting agencies: CAPES, CNPq and Facepe.

Structural and Functional Genomic of diazotrophic bacteria used as sugarcane inoculant

da Silva, PRA¹; Polese, V¹; Schwab, S²; Teixeira, KRS²; Vidal, MS²; Simoes-Araujo, JL²; Baldani, JI².

¹Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Curso de Pós-graduação em Fitotecnia, Seropédica, Rio de Janeiro;

²Embrapa Agrobiologia, Seropédica, Rio de Janeiro

jean.araujo@embrapa.br

Keywords: Biological nitrogen fixation, PGPR, NGS, RNA-Seq.

Sugarcane plants can obtain part of the required nitrogen by the association with several endophytic diazotrophic bacteria in a process called biological nitrogen fixation (BNF). Over the last years, a great effort has been made to develop an inoculant that improve BNF and plant growth. Recently, a mix of five bacteria was recommended as sugarcane inoculant with a great potential to increase BFN and plant productivity. However, the interaction of this bacterial consortium with the sugarcane plants is poorly understood. On the other hand, several genomic analysis tools such as recombinant DNA, DNA and cDNA sequencing, bioinformatics to genome and transcriptome assemble and analyze of the functional and structural genomic, have triggered a revolution in discovery-based research to understand plant-microbe interaction and BNF. Our research group has applied some of these approaches to determine the entire genomic DNA sequence of *Gluconacetobacter diazotrophicus* (Pal5), *Burkholderia tropica* (PPe8) and *Herbaspirillum rubrisubalbicans* (HCC103) bacteria that are part of sugarcane inoculant. The *G. diazotrophicus* (Pal5) genomic is composed of a 3.9 Mb chromosome and 2 plasmids of 16.6 and 38.8 kb, respectively. The 3,938 coding sequences revealed several characteristics related to the endophytic lifestyle such as nitrogen fixation, plant growth, promotion, sugar metabolism, transport systems, synthesis of auxin biosynthesis. The *G. diazotrophicus* functional studies have shown that several genes such as, beta-lactamase, dehydrogenase/reductase, glucosyl transferase, phosphoadenosine phosphosulfate reductase, superoxide dismutase, glutathione reductase, gumD homologue, are important for bacterial response to carbohydrate, signal transduction, exopolysaccharide production and endophytic plant colonization. Recently we used the Next Generation Sequence (Ion Torrent™) and RNA-Seq experiments to obtain the genomic sequence and to study functional genomics in *Burkholderia tropica* (PPe8) and *Herbaspirillum rubrisubalbicans* (HCC103) bacterial species. The PPe8 genome was assembled with 680 contigs and 769 genes identified through automatic annotation. In the case of HCC103, the genome was assembled with 227 contigs and 4847 genes. For functional studies, the bacteria were growth in presence of sugarcane apoplastic liquid and synthetic medium, the cDNA synthesis was carried out after the total RNA extraction and ribosomal RNA depletion and sequenced. We obtained between 3 to 4 Gb for each sample. The reads were mapped in the bacteria genome to identify genes differentially expressed when these bacteria were grown in the presence of sugarcane apoplastic liquid. These results will allow the identification of candidate genes that can be used to manipulate plant/bacterium interactions with the aim of improving sugarcane crop production and other biotechnological applications.

Financial Support: MCT/CNPq/INCT-FBN, Embrapa and CAPES.

Genética Biométrica a serviço do melhoramento de plantas

Silva, JW¹

*1 Universidade Federal Rural de Pernambuco, UFRPE, Recife, PE
josewilson@depa.ufrpe.br*

Keywords: genetics, biometrical

A biometria é a aplicação da estatística ao campo biológico, sendo essencial ao planejamento, avaliação e a interpretação de dados obtidos em pesquisas nessa área. Percebe-se que há demanda crescente de usuários nas diversas instituições de pesquisa na área biológica em especial voltados para o estudo melhoramento genético, que geram e manipulam grande volume de dados, os quais requerem adequado processamento para que os parâmetros estatísticos sejam convenientemente estimados e os fenômenos biológicos interpretados apropriadamente. Neste contexto a maioria dos trabalhos disponíveis estão excessivamente submissos a esquemas e delineamentos genéticos muitos teóricos e pouco empregados no melhoramento genético de plantas. Na apresentação dos diferentes métodos biométricos houve a preocupação de primeiro definir o grande principio da genética biométrica que diz ser o fenótipo resultante do genótipo do individuo e do meio no qual este se desenvolve. O valor observado, quando o caráter é medido num individuo, vem a ser o valor fenotípico do individuo, ou seja todas as quantidades de médias, variância e covariâncias são baseadas nos valores fenotípicos. Do ponto de vista da seleção, importa-nos saber quanto os valores fenotípicos se prestam para representar os valores genotípicos. A questão chave chave é que a equação ($F=G+E+GE$) fecha na teoria mas na prática não fecha, e o que fazer para que a biometria estime com maior precisão os fenótipos. Com era do seqüenciamento dos genomas, que iniciou a partir de 1974, vislumbrou-se a possibilidade de se realizar a seleção diretamente no genótipo (DNA). Várias técnicas de laboratório foram implementadas para se obterem os processos de seqüenciamento do DNA tiveram um crescimento explosivo, criando o que se denominou de era da genômica. O que se pretende mostrar com essa apresentação é questionar qual o melhor predição via genótipo ou ainda o fenótipo é o melhor caminho?

Financial Support: FACEPE

Genética Biométrica a serviço do melhoramento de plantas

Silva, JW¹

¹Universidade Federal Rural de Pernambuco, UFRPE, Recife, PE

josewilson@depa.ufrpe.br

Keywords: genetics, biometrical

A biometria é a aplicação da estatística ao campo biológico, sendo essencial ao planejamento, avaliação e a interpretação de dados obtidos em pesquisas nessa área. Percebe-se que há demanda crescente de usuários nas diversas instituições de pesquisa na área biológica em especial voltados para o estudo melhoramento genético, que geram e manipulam grande volume de dados, os quais requerem adequado processamento para que os parâmetros estatísticos sejam convenientemente estimados e os fenômenos biológicos interpretados apropriadamente. Neste contexto a maioria dos trabalhos disponíveis estão excessivamente submissos a esquemas e delineamentos genéticos muitos teóricos e pouco empregados no melhoramento genético de plantas. Na apresentação dos diferentes métodos biométricos houve a preocupação de primeiro definir o grande principio da genética biométrica que diz ser o fenótipo resultante do genótipo do individuo e do meio no qual este se desenvolve. O valor observado, quando o caráter é medido num individuo, vem a ser o valor fenotípico do individuo, ou seja todas as quantidades de médias, variância e covariâncias são baseadas nos valores fenotípicos. Do ponto de vista da seleção, importa-nos saber quanto os valores fenotípicos se prestam para representar os valores genotípicos. A questão chave chave é que a equação ($F=G+E+GE$) fecha na teoria mas na prática não fecha, e o que fazer para que a biometria estime com maior precisão os fenótipos. Com era do seqüenciamento dos genomas, que iniciou a partir de 1974, vislumbrou-se a possibilidade de se realizar a seleção diretamente no genótipo (DNA). Várias técnicas de laboratório foram implementadas para se obterem os processos de seqüenciamento do DNA tiveram um crescimento explosivo, criando o que se denominou de era da genômica. O que se pretende mostrar com essa apresentação é questionar qual o melhor predição via genótipo ou ainda o fenótipo é o melhor caminho?

Financial Support: FACEPE

Functional Characterization of DNA repair genes

Scortecci, KC¹.

¹Departamento de Biologia Celular e Genética, Centro de Biotecnologias, UFRN. Campus Universitário s/n, Lagoa Nova, Natal, RN, CEP 59078-970

kacscort@yahoo.com

Keywords: DNA repair pathways, bacteria, yeast, plants, duplication, gene targeting

DNA repair pathways are important to keep genome integrity. There are different pathways, each one recognizes and corrects different lesions. Much work has been done in *E. coli*, yeast and human. Furthermore, it has been characterized new functions for “old protein”. In this course it will be presented each DNA repair pathways, its importance for lesion recognition and its mechanism for correction and genome stability. We will work on photoreactivation, Nucleotide DNA repair, Base excision Repair, Mismatch Repair, Homologous Repair, NHEJ repair pathway. For each pathway it will be presented its importance, mechanism, proteins associated and their importance for genome. Moreover, for some pathways it will be presented disease associated due to the lack of lesion correction. Moreover, what is the new knowledge about these pathways that are being generated with the new methods: genomics, comparative genomics, interactome and NSG. How are these pathways with this knowledge? Old genes have new functions? What we know about these pathways in plants? What is the importance of these pathways for a sessile organism in development? What is the effect of abiotic and biotic stress on DNA repair? How plants deal with these conditions and how it affects crop production? What is the impact of climate changes? DNA repair pathways may be connected to this? How is the role of DNA repair pathway in organelles – mitochondria and chloroplast? How it works the organelle targeting in these different organism? What is the effect of gene duplication on DNA repair?

Financial Support: CNPq, CAPES

Spinocerebellar ataxias in Northeast region of Brazil

Laura Bannach Jardim

Spinocerebellar ataxias (SCAs) are a clinically homogeneous and genetically heterogeneous group of at least 37 autosomal dominant, late-onset disorders. Seven are caused by polyglutamines (polyQ) due to expansions of CAG repeats in exons: SCA1, SCA2, SCA3/Machado Joseph disease (SCA3/MJD), SCA6, SCA7, SCA17 and dentato-rubro-pallido-luysian atrophy (DRPLA). Minimal prevalence of SCAs is 1.6 to 5.5:100,000. The relative frequency of each specific SCA varies largely among populations. We have recently reported on a large case series of 359 SCA families in Brazil, and SCA3/MJD was the most common, accounting for 214 Brazilian families (59.6%), followed by SCA2 (7.8%), SCA7 (5.6%) and SCA10 (3.3%); SCA1, SCA2, SCA3/MJD, SCA6, SCA7, SCA10, SCA12, SCA17 and DRPLA were excluded in 18.1% of the present Brazilian families. Only thirteen families of the overall group originated from the Northeast region - Rio Grande do Norte, Paraíba, Bahia and Ceará States. In this subgroup of families, eight (65%) remained without diagnosis, two (15%) carried SCA3/MJD, and SCA2, SCA7 and SCA10 were diagnosed in one family each. Although different clinical suspicion criteria could be operating, we rather think that these results point to an important amount of some SCAs other than those we have studied, for the epidemiology of SCAs in the Northeast region. The expanded CAG-repeats (CAGexp) are inversely related to disease severity, explaining 50-70% of variation in age at onset. Other modifier factors related to the other 30-50% variation have been studied, such as CAG repeat variation in several loci. The overlap in disease phenotypes makes diagnosis dependent on the development of molecular panels covering the majority of SCA loci. Reference centers prepared to receive DNA samples from distant places are an interesting strategy developed in Brazil and other countries. Drugs such as lithium, a pharmacological agent related to increased autophagy, increased chaperones, and HDAC inhibition, have been tested in SCAs; we have recently performed a phase 2 clinical trial on SCA3/MJD with promising results. The lack of cure and the high risk posed to progeny (50%) raise the fundamental role of genetic counseling and of pre-symptomatic testing in improving the quality of life of SCA families.

Animal Genetics Improvement: From Classic to Modern

Rocha, LL¹; Ribeiro, MN²

¹Unidade Acadêmica de Serra Talhada/UFRPE – Serra Talhada, PE ²Departamento de Zootecnia/UFRPE, Recife, PE

laura_rocha77@yahoo.com.br; ribeiromn1@hotmail.com

Keywords: desirable gene, conventional improvement, biotechnology.

The Animal Genetic improvement is not a new concept, but have been receiving new ideas over the years. The classic improvement can be define as a set of techniques based on the quantitative genetics. With the advent of molecular genetics and the statistical advances, new elements were incorporated into moldes of evaluation genetics, for example, the marker assisted selection, creating what we know today as modern improvement. The goal is always increasing the frequency of favourable allele, fully exploiting the animal genetics potential to the human needs, promoting animals's productivity and rentability improvements. The classic improvement, also known as conventional or traditional improvement, came along with Bakewell, instinctively and empirically. Currently, it is a science that includes particular genetic concepts, whose basic principles are: selecting improved animals with precision; having more accuracy when measuring the breded features, disseminate/mate to ensure the flow of desirable genes. With the addition of genetic and statistical expertise, it was possible to develop selection indexes, optimizing artificial selection based on phenotypic information and relatedness between individuals. However, on traditional method the gains are slow, and the introduction of a gene or a set of genes by conventional methods, requires repeated cross-breeding and selection cycles, turning it into a hard and consuming process. Still, the improvement of species on a zootechnical point of view, were and are still made on conventional methods, which have had significant impact and success in animal breeding programs. However, with the proper use of bioinformatics and molecular genetics, it has been possible to introduce genetic information more quickly. Biotechnology started to assist in this process and has been gradually incorporating the routines of genetic improvement in most of the world. You could say that Biotechnology gives support to the animal breeding programs. To start, it can be divided into reproductive and molecular technologies, first we have artificial insemination, embryo transfer, cloning, the last one making part of both, reproductive and molecular technologies; Among the molecular technique we have paternity tests and disease diagnostics, QTLs, genes isolation (cloning), maker-assisted breeding (MAS), transgenic bioreactor animals, genomic selection, DNA chips, genomic and other "omics" (proteomics, metabolomics, nutrigenomics). Many of these technologies are being used in breeding and conservation of animal genetic resources programs. In Brazil, education and research institutions have been associating traditional and modern improvements methodologies to monitoring actions of threatened populations and those there are included on breeding programs.

Is there a relationship between polyploidy and stressful environments? A case study of inselbergs in NE Brazil

Pitrez, SR¹; Andrade, LA¹; F.N.M. Assis¹, FNM; Felix; LP¹.

¹Universidade Federal da Paraíba, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de ciências Biológicas

lpfelix@cca.ufpb.br

Keywords: Chromosome evolution, Whole-genome duplication, reproductive isolation

Isolated populations on rock outcrops often show variations in ploidy levels and/or chromosome structures. Evidence has been found in the orchid genera *Epidendrum*, *Oncidium*, and *Cattleya* of different chromosome numbers in the same species (or among related species) in isolated populations on different inselbergs. Species of *Epidendrum* (subg. *Amphyglottium*) showed dissimilarities in both their CMA/DAPI banding patterns and their nuclear DNA contents, suggesting that cytogenetic analyses will be important in assessing possible allopatric speciation processes among inselberg plants. The aim of this work was to examine the hypothesis that plants with higher ploidy levels are selected by environments under extremely stressful conditions, than the same (or closely related) species from less rigorous terrestrial or epiphytic habitats. Therefore, we analyzed the chromosome numbers of 26 species, belonging to 21 genera and 13 families of angiosperms, collected on four inselbergs in Paraíba State, NE Brazil. In addition, thirteen rupicolous species that grow in the study area, whose chromosome numbers had previously been determined, were included in our analysis. Plant chromosome numbers varied between $2n = 12$ in *Callisia filiformis* (Commelinaceae) to $2n = ca.240$ in *Epidendrum cinnabarinum* (Orchidaceae). The data as a whole does not support the hypothesis that inselberg species have greater levels of ploidy than terrestrial or epiphytic populations of the same or closely related species – as these rupicolous species demonstrate chromosomal evolution patterns that are independent of the stressful environments of inselberg formations.

Financial Support: CNPq (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico), CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior), INSA (Instituto Nacional do Semiárido)

Immunogenetics of autoimmune disorders in the post-genomic era

Brandogeneti^{1,2}.

¹Departamento de Patologia, UFPE, Recife, Pernambuco; ²Laboratory of Immunopatology Keizo Asami (LIKA), Federal University of Pernambuco, Recife, PE, Brazil

lucabrand@gmail.com

Keywords: autoimmune disorders, human genetics, point mutations

Autoimmune disorders are a set of pathologic condition where the immune system loses the ability to distinguish the self from non-self and attacks the own body. As results, healthy tissues could be totally destroyed. Despite the strong association of the human leucocytes antigens (HLA) alleles with several autoimmune diseases was established around forty years ago, the pathogenesis studies that focus the genetic fields emerge in the last decades. In 2001, the release of the first draft of human genome sequence promoted an intensification of immunogenetics studies, increasing our knowledge about the role of human genome in autoimmunity onset. The first findings were based in genetic association studies (GAS) using a single nucleotide polymorphism (SNP) in one gene as a “candidate marker” approach. After that, the genomic consortium projects (*i.e.* HapMap, 1000genomes, ENCODE) have allowed the investigation of multiple SNPs in several genes in different candidates pathways. Nowadays, Genome-Wide Association Studies are conducted enrolling thousands of patients with autoimmune disorder. This landscape has been changing our understanding of autoimmunity pathogenesis by redesigning the experimental insights. A number of loci, besides the immune genes, have been described; the role of rare variants has been included; gene expression has been much more detailed; the proteomics, metabolomics and epigenomics have been analyzed. Together this panorama started a new pos-genomic era that will be able to isolate molecule(s) responsible for conferring risk of disease and could be used in clinical diagnose routine.

Financial Support: Universidade Federal de Pernambuco - UFPE.

Introdução à bioinformática

Belarmino, LC¹.

¹Departamento de Genética – Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas – Universidade Federal de Pernambuco, Recife, PE, Brasil

O crescimento acelerado do número de dados de sequências de nucleotídeos e aminoácidos se tornou uma das principais fontes de informação para pesquisas biológicas. Saber como usar os softwares apropriados é uma necessidade para aqueles que desejam identificar novos genes e padrões moleculares. Dessa forma, o curso apresentará alguns dos principais bancos de dados e ferramentas de mineração disponíveis de forma gratuita para o biólogo molecular. Ao fim do curso, os estudantes terão um conhecimento teórico, bem como uma compreensão dos princípios subjacentes a uma coleção de dados gratuitamente disponíveis na internet e das ferramentas computacionais importantes para abordar uma variedade de problemas biológicos específicos. O curso irá cobrir os seguintes tópicos: 1- Dados biológicos, 2- Bases de conhecimentos, 3- Alinhamento de sequências biológicas, 4- Buscas em bases de dados de sequências biológicas, 5- Famílias de proteínas e anotação de domínios funcionais, 6- Árvores filogenéticas moleculares, 7- Análise de genomas. Acreditamos que este curso introdutório constitui uma parte importante no treinamento de todo estudante interessado em análises computacionais de dados moleculares nas ciências da vida.

Melhoramento do algodão de fibra colorida no Brasil

Carvalho, LP¹.

¹Centro Nacional de Pesquisa de Algodão - Rua Osvaldo Cruz 1143, Campina Grande – PB

luiz.carvalho@embrapa.br

Palavras-chave: algodão, fibra colorida, melhoramento

O algodão é a mais importante fibra natural no mundo que traz significativo valor econômico a partir de suas fibras. Este valor chegou a aproximadamente \$ 30 bilhões de dólares em 2010, mundialmente. No Brasil, o algodão é uma das culturas de maior importância econômica. A projeção para a safra 2013-2014 é de que a produção chegue a 1.842 mil toneladas de pluma. A quase totalidade da fibra produzida mundialmente é de cor branca, no entanto, a fibra dos algodões tetraplóides ocorrem em cores que vão do branco a vários tons de marrom e o verde. No Brasil, na região Nordeste, e em alguns países cultiva-se o algodão com cores na fibra em pequena escala comparado ao algodão de fibra branca. Os trabalhos de melhoramento com este tipo de algodão foram poucos, durante quase todo o século 20, tendo sido concentrados na fibra branca. A amplitude de diversidade genética das espécies de *Gossypium* é exclusivamente extensa, envolvendo variados nichos ecológicos e geográficos. Durante décadas passadas os esforços em biologia molecular, explorando a diversidade genética molecular de vários pools gênicos, grupos genômicos, coleções varietais e de melhoramento e outros germoplasmas, reforçam a preocupação a respeito da base genética estreita do germoplasma de algodões cultivados. Porém, a amplitude da diversidade genética de *Gossypium*, incluindo todas as características morfológicas, fisiológicas e agrônômicas é ampla. O gênero *Gossypium* apresenta mais de 45 espécies diplóides e 5 alotetraplóides. Destas, apenas 4 são cultivadas (*G. hirsutum*, *G. barbadense*, *G. herbaceum* e *G. arboreum*). O algodão herbáceo, *G. hirsutum*, é sexualmente compatível com todas as outras espécies tetraplóides que compõe seu pool gênico primário. O trabalho ora desenvolvido para obtenção de cultivares com fibra colorida na Embrapa algodão usa atualmente a variabilidade existente para cor da fibra (vários tons de marrom e lilás) em *G. barbadense* (tetraploide) compatível sexualmente com *G. hirsutum*. Linhagens com melhoria da qualidade da fibra e com boa produtividade têm sido obtidas neste programa de melhoramento em curso e são apresentadas. A coloração da fibra é controlada geneticamente, sendo de herança simples com dominância parcial da cor sobre o branco. A cor marrom é controlada por 5 locus independentes Lc1, Lc2, Lc3, Lc4 e Lc5. A cor verde é governada por um gene dominante Lg. As cultivares lançadas até o momento, pela Embrapa Algodão, diferentemente das linhagens citadas anteriormente, tiveram como doador da cor marrom e verde, acessos de *G. hirsutum*, tendo sido os cruzamentos *hirsutum* x *hirsutum*. Alguns resultados deste melhoramento são apresentados e discutidos.

Contribuições e Perspectivas do Melhoramento Genético de Plantas no Brasil

Ramalho, MAP¹; Pereira, LA¹.

¹Universidade Federal de Lavras, UFLA, Lavras, MG.

magnoapr@dbi.ufla.br

Palavras-chave: Melhoramento vegetal; Sustentabilidade; Agronegócio

O melhoramento genético das plantas vem ao longo do tempo realizando contribuições expressivas para a sociedade brasileira. O objetivo dessa apresentação é mostrar algumas das realizações dessa área do conhecimento após a redescoberta das leis de Mendel em 1900. Naquela época a população do Brasil era de 17,4 milhões de habitantes e atualmente já ultrapassamos os 200 milhões, ou seja, incremento superior a 11,5 vezes. Apesar desse enorme crescimento populacional, especialmente nos últimos quarenta anos, não só produzimos todo o alimento e fibra necessários para atender a demanda da população, como também tem sido expressiva a participação dos produtos agrícolas nas exportações brasileiras. Isso foi possível aliando técnicas de manejo, especialmente rotação e sucessão de culturas, plantio direto, emprego de fertilizantes, defensivos agrícolas e o melhoramento genético. O número de cultivares colocadas anualmente a disposição dos agricultores brasileiros comprova a participação do melhoramento genético. Entretanto, os desafios a serem superados são ainda enormes, devido aos estresses abióticos e bióticos a que as plantas estão submetidas nas condições de cultivo no Brasil. Para continuar tendo o mesmo sucesso no futuro, novas ferramentas biotecnológicas serão importantes. Contudo, a continuidade da seleção de plantas/ progênes utilizando os princípios mendelianos é que continuará sendo a principal alternativa para vencer os desafios futuros.

Uma abordagem sobre a agrobiodiversidade no Nordeste brasileiro

Queiroz, MA¹.

¹Departamento de Tecnologia e Ciências Sociais (DTCS), Universidade do Estado da Bahia, UNEB, Juazeiro, BA.

manoelabiliomaq@gmail.com

Palavras-chave: germoplasma, recursos genéticos vegetais, agricultura tradicional

A diversidade biológica, representando tudo o que tem vida em um determinado ambiente, pode ser dividida em biodiversidade nativa (referentes aos seres vivos nos respectivos biomas) e agrobiodiversidade ou biodiversidade agrícola (referente aos cultivos realizados pelos agricultores, principalmente, os familiares). Os cultivos praticados por esses agricultores, em geral, são compostos por várias espécies agrícolas, com grande variação entre e dentro das espécies, quase todas correspondendo a plantas que foram introduzidas no Nordeste brasileiro por diferentes rotas ao longo do tempo, incluindo desde as introduções muito antigas feitas pelos indígenas, até as introduções mais recentes depois do descobrimento do Brasil nos últimos 300 anos seja pelas várias formas de comércio, bem como, pelos imigrantes de diversos continentes. Esses tipos foram mantidos pelos agricultores durante a ocupação da região, pois todos os anos eles selecionam plantas e retiram sementes para o próximo plantio. O fato de expor as plantas todos os anos às condições de ambiente prevalentes nas áreas de cultivo submetem as plantas à seleção natural e também é feita seleção de acordo com as preferências dos agricultores. Essas plantas com a grande variação que encerram representam uma fonte de germoplasma de grande significado para a agricultura do nordeste e brasileira, embora por muito tempo essa fonte foi completamente negligenciada. Os cultivos mais comuns são os feijões, o milho, as cucurbitáceas várias, gergelim, plantas frutíferas, medicinais entre outras. Poucas foram estudadas, porém, dentro dessas culturas, as cucurbitáceas que foram mais estudadas, os estudos realizados evidenciaram até o momento uma grande variação para vários caracteres de planta e fruto. Particularmente, os estudos com as melancias (*Citrullus lanatus* e *C. lanatus* var. *citroides*.), os jerimuns (*Cucurbita moschata* e *C. maxima*) e os melões (*Cucumis melo*) podem ser considerados. Jerimuns com grande variação nos tipos de planta e, notadamente, de frutos, inclusive com elevado teor de beta caroteno, têm sido encontrados e os melões apresentam grande variação para caracteres de planta e fruto. Para as melancias, a lista de genes descritos até agora contabiliza 53 genes e, desses, 35 já foram identificados no Nordeste brasileiro, alguns deles ainda não descritos na literatura. Entre os caracteres identificados destacam-se fontes de resistência ao oídio (*Podosphaera xanthii*), ao cancro das hastes (*Didymella bryoniae*), à alternariose (*Alternaria cucumerina*), ao nematoide *Meloidogyne enterolobii*, aos potyvirus (PRSV-W, WMV, ZYMV) além de características de planta e fruto que podem ser de grande significado para o melhoramento de melancia no país, já que os tipos cultivados são suscetíveis a praticamente todos os estresses bióticos conhecidos para a cultura e, portanto, a agrobiodiversidade do Nordeste brasileiro indica uma região como um centro de diversidade para as espécies de cucurbitáceas estudadas.

Quantitative Trait Loci analysis of the tolerance to 5-hydroxymethylfurfural in industrial strains of *Saccharomyces cerevisiae*.

Liberal, ATS¹; Paiva, SSL²; Walsh, TA³, Balbino, VQ¹, Louis, E³; de Moraes Jr, MA¹.

¹Departamento de Genética, UFPE, Recife, PE; ²Departamento de Informática, UFRPE, Recife, PE; ³Centre for Genetic Architecture of Complex Traits, University of Leicester, UK

marcos.morais@pesquisador.cnpq.br

Keywords: directed evolution, fermentation, genetic linkage, point mutation

The development of second-generation bioethanol from lignocellulosic biomass has become widely important and is attracting global attention, since it is a renewable energy source and does not compete for areas designated for food production. The production of bioethanol from lignocellulosic feedstock requires pretreatments and hydrolyses steps to release sugars for yeast fermentation. One of the main challenges is to turn this into an economically feasible process, minimizing sugar degradation and the formation inhibitory compounds. 5-hydroxymethylfurfural (HMF) is formed from dehydration of glucose during biomass pre-treatment, representing one of the most important inhibitors of yeast metabolism. In previous study we used evolutionary engineering of yeast strain aiming at increasing its tolerance towards HMF, resulting in the selection of an evolved *Saccharomyces cerevisiae* strain increased expression of *ADH7* and *ARI1* genes and the activity of their corresponding enzymes alcohol dehydrogenase isoform 7 and aril-alcohol dehydrogenase. However, the extended damages caused by HMF indicated that the tolerance mechanism is a polygenic trait. Thus, we applied Quantitative Trait Loci (QTL) analysis in order to map the most relevant genes that synergistically work for cell tolerance to HMF. First, the genome of the parental industrial strain P6 and its HMF-tolerant evolved derivative P6H9 were sporulated and several rounds of crossings with reference haploid strains and back-crossings were performed. The segregants were phenotypically tested for tolerance to 40 mM HMF, confirming the quantitative profile. In parallel, segregants of the cross between WA and SA strains, two genome mapped strains, were also tested for HMF tolerance and the results allowed us to quantitative associate the tolerance to a region of 50 cM in the short arm of the chromosome five containing 35 genes. The genome of P6 and P6H9 were completely sequenced using Illumina technology and the allelic differences between parental and evolved strains, and among the reference strains, were performed specially for this set of 35 genes and missense mutations were identified. Finally, a collection of yeast mutants with deletion for each of these genes was tested for tolerance to HMF. The results revealed that each one has a certain degree of involvement in the phenotype since the absence of a specific gene reduced from 10% to 70% the yeast growth in the presence of HMF. In conclusion, despite of being far from completion, this work showed the power of combined QTL/whole genome sequencing/phenotypic high throughput analysis in revealing the genetic basis of such of complex biological trait like tolerance to fermentation inhibitor. In future it can help to design more adapted and metabolically active yeast strains, with enormous application from industrial biotechnology to health science.

Financial Support: CNPq and FACEPE

Animal Breeding: from classic to modern

Rocha, LL¹; Ribeiro, MN²

¹Unidade Acadêmica de Serra Talhada/UFRPE - Serra Talhada, PE; ²Departamento de Zootecnia/UFRPE, Recife, PE. Bolsista Cnpq.

laura_rocha77@yahoo.com.br; ribeiromn1@hotmail.com

Keywords: desirable gene, conventional improvement, biotechnology.

The animal breeding is not a new concept but on the other hand the incorporation of new elements has contributed to major advances in the last years. The classic improvement can be defined as a set of techniques based on the quantitative genetics. With the advent of molecular genetics and the statistical advances, new elements were incorporated into the genetic evaluation models for instance the marker assisted selection, evolving into modern animal breeding. The general goal is increasing the desirable allele frequency, fully exploiting the animal genetics potential to the human needs, promoting animals' productivity and profitability. The classic improvement, also known as conventional or traditional improvement, came along with Bakewell, instinctively and empirically. Currently, it is a science that includes particular genetic concepts whose basic principles are select the best animals with precision. With the addition of genetic and statistical expertise, it was possible to develop selection indexes, optimizing artificial selection based on phenotypic information and relatedness between individuals. However, on traditional methods the genetic gains are slow. Hence, the introduction of a gene or a set of genes by conventional methods, requires repeated cross-breeding and selection cycles, turning it into a hard and consuming process. However, with the proper use of bioinformatics and molecular genetics it was possible to introduce genetic information more quickly. Biotechnology started to assist this process and has been gradually incorporating in the routines of genetic improvement worldwide. Many tools are available to help this process as the reproductive and molecular technologies. The main reproductive tool are the artificial insemination, embryo transfer and cloning. Among the molecular techniques there are paternity tests and disease diagnostics, QTLs, genes isolation (cloning), maker-assisted selection (MAS), transgenic bioreactor animals, genomic selection, DNA chips, genomic and other "omics" (proteomics, metabolomics, nutrigenomics). Many of these technologies are being used in breeding and conservation of animal genetic resources programs with success in the last decades.

Genética, evolução e conservação dos morcegos no nordeste do Brasil.

Martín Alejandro Montes

Departamento de Biologia, Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, PE

martinmontes76@gmail.com

Keywords: Chiroptera, Biomas, ISSR, COI, ecorregiões.

Os morcegos, ordem Chiroptera, são os únicos mamíferos com capacidade de voo, apresentando os membros dianteiros transformado em asas. Este grupo apresenta grande variedade de hábitos alimentares e elevado número de espécies, sendo a segunda ordem em riqueza dentro dos mamíferos. Neste aspecto o Brasil se destaca como o segundo país mais rico em quirópteros. Em 2014 publicamos um trabalho sobre a diversidade de morcegos na região Nordeste do Brasil. Contabilizamos 130 espécies, 12 das quais registradas em todos os estados nordestinos, 37 observadas somente em um estado e quatro endêmicas do Nordeste. Avaliamos a diversidade de morcegos nos biomas que cobrem a região Nordeste do país. Na Floresta Atlântica, que representa aproximadamente 10% do território nordestino foram registradas 100 espécies de morcegos. Na Amazônia, que ocupa uma pequena parte do Nordeste, poucas espécies foram registradas. No Cerrado, o segundo bioma em superfície no Nordeste, há pelo menos 40 espécies de morcegos. Na Caatinga, que cobre aproximadamente metade do território nordestino, foi observada a segunda maior riqueza de quirópteros. Verificamos carência de amostragens de morcegos nos biomas Amazônia, Caatinga e Cerrado. Em outro estudo investigamos se a heterogeneidade de paisagens da Caatinga também se reflete na distribuição da fauna de morcegos. Observamos a ocorrência de 91 espécies de quirópteros no bioma e testamos a validade ecorregiões propostas para este bioma. As ecorregiões Dunas do São Francisco e Raso da Catarina apresentaram as maiores lacunas de amostragem e a menor riqueza de morcegos, mesmo assim a segunda apresentou uma espécie exclusiva. O Complexo de Campo Maior apresentou grandes lacunas de amostragem, baixa riqueza e elevado número de espécies exclusivas. Duas espécies exclusivas de morcegos foram observadas na Chapada Diamantina, com 26 espécies, e na Depressão Sertaneja Setentrional com 49. O Planalto da Borborema apresentou três espécies exclusivas e riqueza intermediária. O Complexo Ibiapaba-Araripe apresentou 51 espécies, quatro das quais exclusivas. A Depressão Sertaneja Meridional apresentou a maior riqueza e quantidade de espécies exclusivas. A presença de espécies exclusivas em praticamente todas as ecorregiões apoia a divisão da Caatinga em ecorregiões e reforça a heterogeneidade do bioma. Também estamos estudando a espécie *Artibeus planirostris*, avaliando a estrutura genética de populações da Caatinga e da Floresta Atlântica (sub-regiões Brejos de Altitude e Pernambuco). Dois tipos de marcadores moleculares estão sendo utilizados: ISSR (nuclear) e citocromo oxidase subunidade I (COI, mitocondrial). Já analisamos uma amostra de 87 indivíduos para quatro ISSR e 22 deles para COI. Com ISSR verificamos elevada diferenciação genética entre as populações e as fitofisionomias. Para o COI os dados preliminares não mostram uma elevada diferenciação genética entre as populações. Com estes trabalhos buscamos entender os morcegos do nordeste do Brasil desde o ponto de vista conservacionista, genético e evolutivo.

Potencial dos micro-organismos da caatinga: uma abordagem molecular

Costa, MM¹; Yano-Melo, AM¹; Melo, NF²; Gouveia, GV¹; Gouveia, JJS¹.

¹Colegiado de Zootecnia, UNIVASF, Petrolina, PE; ²EMBRAPA Semiárido, Petrolina, PE

mateus.costa@univasf.edu.br

Palavras-chave: bactéria, fungo, rRNA

A caatinga é um bioma que ocupa 11% do território nacional, em particular na região nordeste. Este tem sido considerado um bioma bastante degradado, o que tem comprometido a sua biodiversidade. A caatinga é composta por uma grande variedade de espécies animais e vegetais. Da mesma forma, também é observada uma grande diversidade de micro-organismos associados a estes indivíduos. O número de bactérias e fungos presentes no solo, água, plantas e animais é muito grande e inclui grupos cujo cultivo em laboratório não é possível. Os micro-organismos encontrados no bioma caatinga são associados a um potencial biotecnológico pouco explorado. Dentre as várias técnicas que permitem acessar este potencial estão os métodos de análise da diversidade dos micro-organismos presentes em amostras através do sequenciamento do gene do rRNA, empregando iniciadores universais. Esta técnica é muito importante para guiar amplificação de genes de interesse, bem como o cultivo de micro-organismos em amostras coletadas, ou a busca dos mesmos em coleções previamente estabelecidas. Através desta metodologia nosso grupo de estudo, intitulado “microbiologia e biotecnologia aplicada à agropecuária no semiárido”, vem desenvolvendo projetos para isolamento e caracterização de micro-organismos com potencial biotecnológico, principalmente no tocante à produção de enzimas, exploração do potencial antimicrobiano frente aos patógenos de interesse para a agricultura, pecuária e saúde pública. Além disso, estudamos, também, organismos com potencial uso como biofertilizante, a fim de melhorar a disponibilidade de matéria orgânica de qualidade para o cultivo vegetal e seleção de inoculantes bacterianos. A descoberta e caracterização de micro-organismos com potencial nanobiotecnológico também tem sido explorada, envolvendo a interação com outras áreas de conhecimento como a física. Estudos desta natureza são importantes, pois, além de caracterizar e alertar para importância da biodiversidade do bioma caatinga, permitem sua exploração racional através de métodos pouco invasivos, o que pode ser uma importante ferramenta para obtenção de desenvolvimento socioeconômico, associada à proteção do meio ambiente.

Apoio Financeiro: FACEPE

Análise genética estatística via R/STATGEN

Neder, DG¹.

¹Professor Doutor da Universidade Estadual da Paraíba, UEPB, Campina Grande, PB

dgneder@hotmail.com

Palavras-chave: Plataforma web, Planejamento experimental, Análise de experimentos, teste de médias, correlações.

R é uma linguagem e um ambiente para computação estatística e elaboração de gráficos, totalmente gratuito, livre, multiplataforma, dotado de um grande número de funções para procedimentos estatísticos convencionais e extensível por meio da instalação de pacotes adicionais. Diversos pacotes R para processamento de dados genéticos já foram desenvolvidos, entretanto seu uso não é trivial, requerendo conhecimento avançado em R por parte dos usuários. Pensando em facilitar o acesso a este poderoso recurso computacional para análise de dados genéticos, foi desenvolvida uma interface entre R e JavaScript. A linguagem de programação JavaScript é considerada a mais onipresente de todas as linguagens que já existiu, desenvolvida para internet é capaz de rodar tanto do lado cliente, em qualquer dispositivo de acesso à internet, quanto do lado servidor, independente do sistema operacional. Somando-se a isto, ferramentas voltadas para construção de interfaces gráficas, sistemas de gerenciamento de banco de dados e um servidor para aplicativos web. Assim sendo, a partir desta interface entre estas duas poderosas e complementares linguagens de programação e de suas ferramentas foi possível se construir uma plataforma web destinada à análise e processamento de dados genéticos por meio de diferentes modelos biométricos, chamada STATGEN, a qual pode ser acessada gratuitamente pela Internet no endereço <http://www.statgen.com.br>. O projeto desta plataforma prevê a implementação de procedimentos para análise de dados fenotípicos, genotípicos e de suas associações, assim como de modelos de crescimento e desenvolvimento de culturas agrícolas. Está se encontra em constante desenvolvimento e atualização, porém diversos recursos já se encontram disponíveis para uso. O presente minicurso têm como objetivo demonstrar os recursos do R e de seus pacotes voltados para a área de Genética e Melhoramento e apresentar o STATGEN, ensinando o uso do software a partir de exemplos reais e simulados. Será demonstrado o uso do mesmo no planejamento de experimentos, análise de variância, estimativas de parâmetros genéticos, comparação e ajuste de médias e correlações.

Transgênicos: Métodos de obtenção e impacto dos OGM's na Agricultura

Santos, RC¹.

¹Embrapa Algodão, Campina Grande, PB

roseane.santos@embrapa.br

Palavras-chave: lavouras GM, transgenia, cultivo in vitro, biodiversidade

A agricultura mundial tem passado, atualmente, por vários saltos quantitativos, em termos de produtividade e qualidade das lavouras, beneficiados não apenas pelas técnicas do melhoramento clássico mas também, pelas atuais ferramentas disponíveis na biotecnologia moderna, destacando-se a transgenia, pela qual é possível o desenvolvimento de plantas geneticamente modificadas (GM), detentoras de genes exógenos. Desde meados da década de 80 existem lavouras GM plantadas no mundo, as quais ofereceram benefícios econômicos e ambientais aos agricultores porque se constituem em mais uma alternativa para proteção de plantas contra as perdas causadas por pragas (insetos, patógenos e ervas daninhas). No mercado atual de grandes commodities agrícolas, há atualmente várias lavouras GM contendo genes que codificam para genes de defesa contra pragas (tolerância a herbicidas, insetos e vírus), melhoria alimentar (vitaminas A) e armazenamento (*late maturation*). Em andamento, vários Centros de pesquisa vêm trabalhando para introdução de outros caracteres como tolerância a seca e a salinidade, resistência a doenças fúngicas e nematóides, além de características do óleo. Dentre as principais metodologias disponíveis para obtenção de plantas geneticamente modificadas citam-se: eletroporação de protoplastos, introdução de DNA mediada via polietilenoglicol (PEG), biobalística ou biolítica, transferência via *Agrobacterium*, microinjeção, entre outras. A eficiência da transformação depende não apenas da espécie selecionada mas também do tecido da planta, do genótipo e da técnica, inclusive. Os custos também são variados, sendo os utilizados via microinjeção os mais acessíveis porque evitam passos críticos e onerosos da regeneração da planta, que também dificultam o processo quando as espécies são recalcitrantes. Neste minicurso serão abordados temas a respeito das atuais técnicas de transformação, os métodos utilizados para identificação dos transgenes e o impacto dessa geração de lavouras GMs no agronegócio das grandes commodities mundiais.

Diversidade morfocariológica em recursos genéticos vegetais do semiárido brasileiro, com ênfase em *Passiflora*, *Zephyranthes* e *Stylosanthes*.

Melo, NF¹; Araújo, FP¹; Coelho, MSE^{1,2}; Lira, ICSA^{1,2}; Carvalho, R³.

¹Embrapa Semiárido, Laboratório de Biotecnologia, Petrolina, PE; ²Universidade Estadual de Feira de Santana, UEFS, PPG-RGV, Feira de Santana, BA; ³Universidade Federal Rural de Pernambuco, UFRPE, Recife, PE

natoniel.melo@embrapa.br

Palavras chave: cromossomo, caatinga, DNAr

O bioma Caatinga está inserido no semiárido brasileiro, sendo caracterizado principalmente pelo acentuado xerofitismo e forte adaptação espacial, correlacionado às condições ambientais. Fatores abióticos como o marcante déficit hídrico e os longos períodos de seca variam regionalmente, e a interação entre as condições ambientais e os padrões de distribuição de diversidade genética sugerem relações intrínsecas. Diversas metodologias podem ser empregadas para se acessar a variabilidade genética e as relações entre diferentes populações de um dado ambiente, como a citogenética convencional e molecular, o sequenciamento de regiões conservadas do genoma, e o emprego de marcadores moleculares. No presente trabalho apresentamos uma análise da diversidade genética em espécies dos gêneros *Passiflora* L., *Stylosanthes* Sw. e *Zephyranthes* Herb., buscando gerar informações para sua conservação, valoração e uso como frutíferas, medicinais, ornamentais ou forrageiras. Em *Zephyranthes*, verifica-se variabilidade cariológica com números cromossômicos entre $2n=12, 24, 38$ e 44 , complemento cromossômico bimodal, citotipos com a presença de até três cromossomos B ($2n= 12 + 1B, 2B$ ou $3B$), além de um citótipo triploide com $2n = 18$. Em alguns grupos, a dupla coloração CMA/DAPI sugere correlações entre número de bandas CMA+ e o nível de ploidia. Em *Passiflora*, observam-se três diferentes grupos de cariótipos com $2n=12, 24$ e 36 ; $2n= 18$ e 72 ; e $2n= 20$. Os números de sítios de DNAr e polimorfismos de bandas em marcadores moleculares do tipo ISSR também demonstram a variabilidade entre genótipos, contribuindo para seleção de novos materiais. Para *Stylosanthes*, há algumas espécies com ocorrência e potencial forrageiro para o semiárido brasileiro, observando-se dois principais números cromossômicos: $2n=20$, como em *S. seabrana* B.L. Maass & 't Mannelje e *S. viscosa* (L.) Sw., e $2n=40$ no alotetraploide *S. scabra* Vogel. Esses dados confirmam a considerável variabilidade cariológica registrada para as espécies, permitindo discutir alguns mecanismos de evolução cariotípica, bem como avaliar o germoplasma na descrição do potencial de uso por meio de descritores quantitativos que visem atender os interesses agrônômicos.

Apoio financeiro: Facepe, CNPq, CAPES

Medical Care for Patients with Genetic Disease at SUS: current status and perspectives

Medeiros, P F V¹

Universidade Federal de Campina Grande/CCBS/Curso Medicina

paulafvmedeiros@gmail.com

Keywords: genética médica, genética no SUS

Congenital malformations have become the second most common cause of death in children under 1 year of age surpassing infectious diseases, accounting for more than 15% of the total number of infant deaths since 2000, according to DATASUS. These data emphasize the increasing importance of Medical Genetics to the health of the Brazilian population, especially to the 75% of the population that has been served by the public unified health system (“Sistema Unico de Saude” or SUS only. This public health system covers few genetic services, most particularly tests for genetic newborn screening. Most public healthcare centers and healthcare services related to the field of clinical genetics are usually located in State capitals and concentrated in the Southeast and South of Brazil. This distribution is particularly worrisome, considering that, in Brazil, the total frequency of consanguineous marriages is about 15 times higher in the Northeast than that in the South, which contributes to a higher risk of autosomal recessive disorders in the Northeast. This then explains the high frequency of mucopolysaccharidoses type VI in Monte Santo, Bahia, and type IVA in Paraíba. As for other genetic diseases, these patients have been given diagnosis and treatment in school hospitals of public universities. The lack of medical geneticists worsens the healthcare situation for patients with genetic disease. There are currently less than 300 Medical Geneticists in the whole country. In 2014 the Ministry of Health recognized Medical Genetics as a specialty in SUS, creating the Policy of Rare Diseases, a guideline for complete assistance to be given to individuals with rare disorders. The adopted definition of rare diseases was the same as that of World Health Organization: 65 out of 100,000 individuals. The Policy of Rare Diseases is expected to create great perspectives in medical care for patients with genetic diseases at SUS.

New susceptibility genes for Systemic Lupus Erythematosus

de Azevedo Silva, J^{1,2}; Addobbati, C^{1,2}; Fonseca, AM¹; Germoglio VG^{1,2}; Sandrin-Garcia, P^{1,2}.

¹Departamento de Genética, Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Recife/PE; ²Laboratório de Imunopatologia Keizo Asami (LIKA), Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Recife/PE

paulasandrin27@gmail.com

Keywords: SLE, genes susceptibility, autoimmune disease.

Systemic Lupus Erythematosus (SLE) is an autoimmune disease that may affect any organ or system. It is characterized by different clinical/laboratorial manifestations such as cutaneous, hematological or immunological alterations, as well as renal and neurological disorders. Despite its unknown etiology, genetic, hormonal, immunological and environmental factors are involved in the pathogenesis of this multifactorial disease. Transcriptome analysis has been also performed in SLE patients aimed at identifying new candidate genes evaluated the expression profile of 4500 genes in patients with active and inactive SLE: a total of 156 genes were differentially expressed in patients and healthy controls, and 8 upregulated/downregulated genes were considered as possible candidates for disease susceptibility: *FYB*, *LIG4*, *RAD52*, *STK17A*, *SEMA4A*, *FYN*, *SLC38A1* and *FN1*. These genes have function involved with immune system regulation and DNA damage repair and apoptosis. Identification of polymorphisms in genes involved in susceptibility to SLE is currently one of the most important researches to understand autoimmunity and its causes. In this way, our aim was to assess the possible association of polymorphisms (SNPs) in *FYB*, *LIG4*, *RAD52*, *STK17A* and *SEMA4A* genes with SLE susceptibility and its clinical manifestations. A case-control study was performed with SLE patients and healthy individuals from Recife/PE and/or Ribeirão Preto/SP. Genomic DNA was isolated from peripheral whole blood using a salting out procedure. Polymorphisms were selected using the SNP Browser™ Software 4.0 (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA) and HapMap database (<http://hapmap.ncbi.nlm.nih.gov/>). SNPs selection considered the following criteria: Tag SNPs, 10 % Minimum Allele Frequency (MAF) and distribution along the tested genes. Genotypic and allelic frequencies and Hardy-Weinberg equilibrium were performed by using the SNPStats (<http://bioinfo.iconcologia.net/SNPstats>). The odds ratio (ORs) and 95% confidence intervals (95% CI) were evaluated using the R 2.10.0 (<http://www.r-project.org/>) software. Clinical and laboratorial features distribution was analyzed using the EpiInfo version 3.5.1 software (<http://www.cdc.gov/epiinfo/about.htm>). P-value ≤ 0.05 were considered statistically significant. Our results showed an association between polymorphisms in *FYB*, *STK17A* and *SEMA4A* genes with susceptibility and clinical manifestations of SLE, but not show association for *LIG4* and *RAD52* genes. Our data for *FYB*, *STK17A* and *SEMA4A* genes are supported by previous genes differential expression analysis, suggesting their involvement in the etiology of the disease. However, we are aware that the functional effect SNPs analyzed is unknown and that replication studies in other populations will be needed to confirm the involvement in SLE susceptibility.

Financial Support: FACEPE and CNPq.

Genetic polymorphisms associated to failure of anti-HIV therapy: a pharmacogenetic approach

Coelho, AVCC^{1,2}; Silva, SPS^{2,3}; de Alencar, LCA⁴; Stocco, G⁵; Crovella, S^{1,2}; Brandão, LAC^{1,6}; Guimarães, RL^{1,2}.

¹Department of Genetics, Federal University of Pernambuco, Recife, PE, Brazil; ²Laboratory of Immunopatology Keizo Asami (LIKA), Federal University of Pernambuco, Recife, PE, Brazil; ³Post-graduation Program of Therapeutic Innovation (PPGIT), Federal University of Pernambuco, Recife, PE, Brazil; ⁴Integral Medicine Institute Professor Fernando Figueira, Recife, PE, Brazil; ⁵Department of Life Sciences, University of Trieste, Trieste, Italy; ⁶Department of Pathology, Federal University of Pernambuco, Recife, PE, Brazil

rafael.lguimaraes@ufpe.br

Keywords: HIV-1, pharmacogenetics, pharmacodynamics

Approximately 35,3 million of people are living with human immunodeficiency virus (HIV) around the world. However, the number of deaths has been reduced, mainly due to advances in anti-retroviral therapy. This treatment against HIV consists in fight the virus replication, which can lead to a drastic diminishment of T CD4+ cells, causing a severe immunodeficiency. In the last 20 years, it has been detected great advances in anti-retroviral drugs development. Nowadays, several anti-retrovirals are available to the patients, generally used in combination with two or three drugs, consisting in HAART (Highly Active Anti-Retroviral Therapy). Since the introduction of HAART in clinical practice, millions of lives have been saved. However, some patients show treatment failures, consisting on the disability of reducing the viral load to undetectable levels, the occurrence of adverse effects or the poor recovering of T CD4+ lymphocytes concentration. The present study aims at evaluating the association between seven single nucleotide polymorphisms (SNPs) in five genes involved on antiretroviral pharmacokinetic pathways and virological failure in first line of HAART. Seven candidate SNPs (rs3842 and rs1045642 in ABCB1, rs212091 and rs3743527 in ABCC1, rs3745274 in CYP2B6, rs628031 in SLC22A1 and rs1517618 in SLCO3A1) were evaluated if they were associated with virological failure through logistic regression analysis. The study design was a retrospective cohort, analyzing 187 patients from Recife metropolitan region (Pernambuco, Brazil): among these, 160 obtained complete suppression of HIV-1 replication (responders) and were compared to 27 nonresponders, which underwent virological failure. There was no association between CYP2B6, SLC22A1, and SLCO3A1 SNPs and virological failure. Using logistic regression analysis, a significant association was detected between the rs1045642 (3435C>T, ABCB1) and rs212091 (198217T>C; 3'-UTR, ABCC1) with virological failure of first line antiretroviral regimens containing protease inhibitors, when controlled by clinical factors, such as sex, age and race. The present results could contribute to unravel the influence of genetic background in anti-HIV therapy outcome and help in treatment personalization of Northeast Brazil HIV infected patients.

Financial support: CNPq and FACEPE

Origins of the metabolic-mnemonic nucleoprotein flow system according to the self-referential genetic code

Guimarães, RC¹.

¹Lab Biodiversidade e Evolução Molecular, Dep Genética, ICB – UFMG, Belo Horizonte MG ³¹²⁷⁰⁻⁹⁰¹

romeucardosguimaraes@gmail.com

Keywords: genetic code, origins, tRNA dimers, protein synthesis, metabolic pathways, error minimization.

The self-referential model (SRM) for the formation of the genetic code is based on the 'prototRNA dimer-directed peptidyl transferase activity'. PrototRNAs are prebiotic oligomers; dimers are ribosome and mRNA codon:tRNA anticodon analogs; peptide products that bind to the producers are precursors to the encoded synthetase-tRNA couples. (a) Anticodon dimers are organized in four modules, in the temporal order of encoding: (1) NGR:NCY → (2) NAR:NUY → (3) NCR:NGY → (4) NUR:NAY. (b) Encodings are dictated by the sequential formation of protein functional sites / motifs (hydropathy, secondary structure, RNA/DNA binding, stability against catabolism via the N-end Rule). These functions are encoded in extensive overlap and in concert due to being concomitant (in time) one with the others and utilizing (in space) the limited sets of triplets and amino acids in each module. (c) The chronology of encodings is consistent not with the list of abiotic abundant amino acids but with amino acid biosynthesis pathways; encodings had to rely upon stable amino acid sources, therewith introducing a third component in the concerted evolution of the code components. Start with the Gly-Ser Cycle, at the fuzzy borders of methylotrophy and autotrophy, utilizing one-carbon (C1) nutrients. Gluconeogenesis would have followed from the other C3 and C4 compounds in the Gly-Ser Cycle, as well as the pathways for sugar and nucleobase biosynthesis. (d) The modular structure is the basis for the error-minimizing property of the matrix of correspondences. (e) Long genetic sequences are initially derived from tRNA ligation (polytRNAs) and elongational replication that may acquire diverse structures and functions. Metabolic pathway genes would, e. g. be derived from sequences of peptides that were not involved with the initial RNA-binding function.

Diversidade de besouros Scarabaeinae do Nordeste brasileiro: Uma abordagem genética e evolutiva

Moura, RC¹

¹Laboratório de Biodiversidade e Genética de Insetos, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade de Pernambuco
ritamoura.upe@gmail.com

Palavras-chave: Rola bosta; Scarabaeidae; Mapeamento gênico; FISH.

A diversidade de besouros escarabeíneos (Scarabaeidae) é considerável, compreendendo 6.000 espécies, 200 gêneros e 12 tribos distribuídas mundialmente. Para o Nordeste os registros aumentaram após o ano 2000, particularmente em Pernambuco houve o aumento de 12 espécies para cerca de 60. Estas espécies encontram-se em remanescentes de mata atlântica, brejo de altitude, restinga e caatinga e desempenham serviços ambientais. Além dos inventários, estudos sobre a genética e ecologia estão sendo desenvolvidos. Como gênero modelo, *Dichotomius* Hope, 1838 se destaca, o qual possui 161 espécies distribuídas em quatro subgêneros e grupos, dentre eles o complexo *sericeus*. Considerando as 15 espécies estudadas por citogenética molecular, podemos dizer que: os cariótipos são um marcador citotaxonômico, ocorre polimorfismo quanto a presença de cromossomo B, a heterocromatina constitutiva (HC) é dinâmica e que o mapeamento de famílias multigênicas evidenciou variação a nível microgenômico. Recentemente estudos de descrição e localização de sequências de famílias multigênicas e de elementos de transposição (ET) em *D. schiffleri* e *D. sericeus* foram realizados, bem como da origem de cromossomos B em *D. sericeus*. Em *D. schiffleri* as famílias multigênicas estão localizadas na HC dos pares dois e três, enquanto que em *D. sericeus* estão restritas ao par 2. Quanto a localização de ET, em *D. schiffleri* o elemento *DsmarMITE* está presente em regiões eucromáticas de todos os cromossomos autossomos. Em *D. sericeus*, o mapeamento dos ETs Marco2, MOS e Bilbo, revelou a presença desses elementos em regiões heterocromáticas em todos os cromossomos, exceto no sexual para o elemento Marco2 e nos pares seis e sete para MOS. A ocorrência de sítios de DNAr 18S e ausência de sítios de DNAr 5S e histona H3 no cromossomo B de *D. sericeus*, sugere que esse cromossomo se originou a partir do terceiro par autossômico, antecedendo a possível transferência do sítio de DNAr 18S para o segundo par, a qual deve ter ocorrido por recombinação ectópica. A pintura cromossômica do B revelou que a sequência deste cromossomo, apresenta homologia com as regiões pericentroméricas de todos os autossomos e com o X. A análise populacional do B, demonstrou que a composição molecular deste elemento é semelhante em todas as populações analisadas. Além disso, a hibridização cruzada do cromossomo B, em nove espécies do gênero *Dichotomius* sugere que esse cromossomo se originou de forma intraespecífica. Adicionalmente, estudos de mapeamento de outras sequências repetitivas e da estrutura genética de populações, com os marcadores ISSR e COI, dessas espécies encontram-se em andamento. De modo que a curto prazo poderemos revelar novos dados que subsidiem ainda mais a compreensão dos mecanismos cromossômicos evolutivos e que contribuam para o conhecimento da diversidade molecular de *D. sericeus* e *D. schiffleri* e de sua conservação.

Suporte financeiro: CNPq; FACEPE; Capes

Origins of the metabolic-mnemonic nucleoprotein flow system according to the self-referential genetic code

Guimarães, RC¹.

¹Lab Biodiversidade e Evolução Molecular, Dep Genética, ICB – UFMG, Belo Horizonte MG 31270.901

romeucardosoguimaraes@gmail.com

Keywords: genetic code, origins, tRNA dimers, protein synthesis, metabolic pathways, error minimization.

The self-referential model (SRM) for the formation of the genetic code is based on the 'prototRNA dimer-directed peptidyl transferase activity'. PrototRNAs are prebiotic oligomers; dimers are ribosome and mRNA codon:tRNA anticodon analogs; peptide products that bind to the producers are precursors to the encoded synthetase-tRNA couples. (a) Anticodon dimers are organized in four modules, in the temporal order of encoding: (1) NGR:NCY → (2) NAR:NUY → (3) NCR:NGY → (4) NUR:NAY. (b) Encodings are dictated by the sequential formation of protein functional sites / motifs (hydropathy, secondary structure, RNA/DNA binding, stability against catabolism via the N-end Rule). These functions are encoded in extensive overlap and in concert due to being concomitant (in time) one with the others and utilizing (in space) the limited sets of triplets and amino acids in each module. (c) The chronology of encodings is consistent not with the list of abiotic abundant amino acids but with amino acid biosynthesis pathways; encodings had to rely upon stable amino acid sources, therewith introducing a third component in the concerted evolution of the code components. Start with the Gly-Ser Cycle, at the fuzzy borders of methylotrophy and autotrophy, utilizing one-carbon (C1) nutrients. Gluconeogenesis would have followed from the other C3 and C4 compounds in the Gly-Ser Cycle, as well as the pathways for sugar and nucleobase biosynthesis. (d) The modular structure is the basis for the error-minimizing property of the matrix of correspondences. (e) Long genetic sequences are initially derived from tRNA ligation (polytRNAs) and elongational replication that may acquire diverse structures and functions. Metabolic pathway genes would, e. g. be derived from sequences of peptides that were not involved with the initial RNA-binding function.

Mapeamento genético e expressão gênica diferenciada em respostas contra patógenos em melão

Corrêa, RX¹; Martín-Hernández, AM²; Nunes, GHS²

¹Universidade Estadual de Santa Cruz, UESC, Ilhéus, BA; ²Centre de Recerca en Agrigenòmica CSIC-IRTA-UAB-UB (CRAG), Barcelona, Espanha; ³Universidade Federal Rural do Semiárido, UFERSA, Mossoró, RN

ronanxc@uesc.br

Palavras-chave: *Cucumis melo*, CMV, QTL, proteômica, germoplasma, melhoramento genético.

As pesquisas genômicas sobre o meloeiro (*Cucumis melo*), incluindo-se estudos de mapeamento genético e seqüenciamento do genoma, possibilitaram a identificação de diferentes genes relacionados com resistência a doenças causadas por vírus nessa espécie e abriram perspectivas para estudos de expressão gênica e proteômica, visando elucidar mecanismos envolvidos na relação do melão com seus patógenos. Nos estudos conduzidos no CRAG, utilizando-se diferentes cepas de CMV nos ensaios de inoculação de meloeiros, pelo menos três QTL foram identificados nos grupos de ligação (LG) XII, X e III. Alternativamente, os QTL combinam-se para conferir resistência a estirpes específicas de CMV. Diversos pesquisadores demonstraram que genes codificadores de fatores de iniciação da tradução eucariota funcionam de forma recessiva na resistência de planta a potyvirus em diferentes hospedeiros vegetais. Por outro lado, estudos de expressão gênica diferenciada, após coinfeção de estirpes específicas de CMV (Cucumovirus) e ZYMV (Potyvirus), possivelmente devido à inibição do movimento viral como um dos mecanismos envolvidos na resistência de plantas. As principais viroses que acometem a cultura do melão no Brasil e respectivos agentes etiológicos incluem o vírus do mosaico do pepino (CMV), vírus da mancha anelar do mamoeiro estirpe melancia (PRSV-W), vírus do mosaico da melancia (WMV-2), mosaico da abobrinha (ZYMV), mosaico da abóbora (SqMV), amarelão do mamoeiro (MYaV) e clorose letal da abobrinha. Dentre essas doenças, considera-se que as mais importantes nas regiões produtoras do nordeste brasileiro são as causadas por PRSV-W e MYaV (ZLCV). No entanto, CMV é frequentemente encontrado associado a diversas viroses, potencializando danos econômicos a essa cultura. Neste contexto, considerando que a cultura do melão é bastante expressiva no nordeste brasileiro e que o Brasil figura entre os países maiores exportadores dessa fruta, foi constituída uma parceria de pesquisadores da UESC, UFERSA e CRAG para constituir um grupo de pesquisa sobre genética do melão. Desta forma, pretende-se demonstrar nessa conferência como os avanços recentes de genômica do melão estão influenciando os estudos de mapeamento genético e de análise de expressão gênica nos estudos de resistência do melão, com ênfase no patossistema Melão-CMV.

Apoio financeiro: CNPq e CAPES.

Biotecnologia em pesquisas de fibrosas e oleaginosas

Santos, RC¹.

¹Embrapa Algodão, Campina Grande, PB

roseane.santos@embrapa.br

Keywords: lavouras GM, transgenia, cultivo in vitro, biodiversidade

O melhoramento genético de plantas tem gerado uma série de benefícios agrícolas, refletidos não apenas na elevação da produtividade mas também na melhoria da segurança ambiental e alimentar. Há situações, contudo, em que as técnicas de melhoramento convencional são limitadas para avançar na obtenção de um determinado caráter e, neste aspecto, as ferramentas da biotecnologia moderna se apresentam como efetivas para auxiliar na resolução de tais limitações. O uso dessas ferramentas teve grande impulso no início da década de 80, quando as técnicas de manipulação do DNA recombinante, aliadas à regeneração e à transformação de plantas, se tornaram possíveis. Entre as grandes vantagens no uso dessas técnicas com relação ao melhoramento clássico, citam-se: a) transferência de genes exógenos sem a limitação imposta pelas barreiras naturais, b) maior controle na transferência de genes específicos e c) geração de plantas livres de patógenos com padrão de herança semelhante às adquiridas por meio genético. O Brasil tem se revelado como um expoente no segmento agropecuário, especialmente com as lavouras da soja, milho, algodão e canola, que, apesar de serem grandes *commodities*, demandam elevado investimento no manejo, especialmente para defesa de plantas contra pragas, incluindo-se os insetos, ervas daninhas e fitopatógenos. A transgenia tem sido um segmento da biotecnologia que tem contribuído expressivamente para reduzir ou minimizar esses problemas por meio de lavouras geneticamente modificadas que detêm genes exógenos, que conferem resistência a várias pragas de lavoura, como ervas daninhas e insetos lepidópteros. Entre as tecnologias mais conhecidas, citam-se *Roundup Ready* (RR), desenvolvida pela Monsanto, que confere tolerância ao herbicida glifosato (Roundup) e a Bt, de *Bacillus thuringiensis*, que codifica δ -endotoxinas (família Cry) com propriedades inseticidas contra insetos lepidópteros, dípteros e coleópteros. Várias cultivares GM encontram-se atualmente no mercado, contendo tais tecnologias, embora com genes diferentes, sendo cultivadas em vários países do mundo, inclusive no Brasil que é o segundo maior produtor de lavouras GM oleaginosas e fibrosas, em nível mundial. As Instituições de pesquisa brasileiras têm envidado esforços para atender as demandas desse segmento e já dispõem de vários processos em andamento, como o feijão GM resistente a vírus, desenvolvido pela Embrapa. Outras pesquisas com o algodão e soja encontram-se em andamento, também lideradas pela Embrapa, em parceria com outras Instituições nacionais. Acredita-se que para a próxima geração de lavouras GM, novos genes deverão ser incluídos, atendendo as macrodemandas mundiais, como agroenergia, fármacos, vacinas e bioremediação. Independentemente das tecnologias geradas, a preservação do meio ambiente e da segurança alimentar devem ser os principais norteadores para a execução de uma pesquisa responsável não apenas com o uso mas também com a sustentabilidade da biodiversidade mundial.

Transgênicos: Métodos de obtenção e impacto dos OGM's na Agricultura

Roseane Cavalcanti dos Santos

¹Embrapa Algodão, Campina Grande, PB

roseane.santos@embrapa.br

Keywords: lavouras GM, transgenia, cultivo in vitro, biodiversidade

A agricultura mundial tem passado, atualmente, por vários saltos quantitativos, em termos de produtividade e qualidade das lavouras, beneficiados não apenas pelas técnicas do melhoramento clássico mas também, pelas atuais ferramentas disponíveis na biotecnologia moderna, destacando-se a transgenia, pela qual é possível o desenvolvimento de plantas geneticamente modificadas (GM), detentoras de genes exógenos. Desde meados da década de 80 existem lavouras GM plantadas no mundo, as quais ofereceram benefícios econômicos e ambientais aos agricultores porque se constituem em mais uma alternativa para proteção de plantas contra as perdas causadas por pragas (insetos, patógenos e ervas daninhas). No mercado atual de grandes commodities agrícolas, há atualmente várias lavouras GM contendo genes que codificam para genes de defesa contra pragas (tolerância a herbicidas, insetos e vírus), melhoria alimentar (vitaminas A) e armazenamento (*late maturation*). Em andamento, vários Centros de pesquisa vem trabalhando para introdução de outros caracteres como tolerância a seca e a salinidade, resistência a doenças fúngicas e nematóides, além de características do óleo. Dentre as principais metodologias disponíveis para obtenção de plantas geneticamente modificadas citam-se: eletroporação de protoplastos, introdução de DNA mediada via polietilenoglicol (PEG), biobalística ou biolítica, transferência via *Agrobacterium*, microinjeção, entre outras. A eficiência da transformação depende não apenas da espécie selecionada mas também do tecido da planta, do genótipo e da técnica, inclusive. Os custos também são variados, sendo os utilizados via microinjeção os mais acessíveis porque evitam passos críticos e onerosos da regeneração da planta, que também dificultam o processo quando as espécies são recalcitrantes. Neste minicurso serão abordados temas a respeito das atuais técnicas de transformação, os métodos utilizados para identificação dos transgenes e o impacto dessa geração de lavouras GMs no agronegócio das grandes commodities mundiais.

Host genome analysis in HIV patients treated with dendritic cells based immuno-therapy

Crovella, S¹.

¹Departamento de Genética. Universidade Federal de Pernambuco, Recife (PE)

croveller@gmail.com

Keywords: host genome, HIV, dendritic cells based immuno-therapy

Dendritic cell (DC) based immunotherapy appeared to be an interesting strategy to fight HIV-1 infection and have been proposed first as an alternative treatment for HIV+ patients then as a co-adjuvant treatment for combined antiretroviral therapy (cART). Indeed it represents a great chance to investigate the host immune response against the virus. At this time, 11 clinical trials had been concluded whether 7 are still ongoing. The design of these clinical trials greatly varies between the groups, concerning antigens using to pulse DC (inactivated whole virus, viral peptides, mRNA, recombinant virus vectors, etc.), DC preparation and dosage. All variables concerning the distinct steps of the immune-vaccine preparation, clinical trial design and immunological monitoring of vaccinated patients, have been deeply considered, proving interesting findings useful for criteria unification of future therapeutic vaccine studies. However, within all the variables considered, the host genome and its influence on the response to therapeutic vaccines have never been considered. Our research group in 2010 published an article reporting the analysis of innate immunity genome in 18 HIV Brazilian patients treated with dendritic based immunotherapy. Two SNPs, in MBL2 and NOS1 genes, have been associated with better or worst response to the immune-vaccine. In a more recent paper we reported the genotyping of known host anti-HIV restriction factors in patients enrolled in DC-based clinical trials because of the natural impact on viral replication in these individuals. We hypothesized that individuals with a less permissive genomic profile for HIV-1 infection and/or replication may respond better to DC-based treatment. To evaluate the impact of host anti-HIV restriction factors on the efficacy of DC-based treatment, we analyzed the same 18 HIV Brazilian patients for selected polymorphisms in genes known to be involved in HIV-1 infection and/or progression to AIDS, namely APOBEC3G, CCL4, CCL5, CCR5, CUL5, CXCR6, HLA-C, IFNG, PARD3B, Prox1, SDF-1, TRIM5, ZNRD1. We found that the rs11884476 polymorphism in PARD3B resulted associated with good response to the immune treatment according to an over-dominant model. We also identified, always in the same 18 HIV patients, another gene, possibly involved in the response to the DC immune-treatment, namely CNOT1 after whole exome analysis with Illumina Exome chip. We are now working on HIV positive patients and placebo controls (n=70) from the International Consortium for HIV Vaccines using a whole exome approach to identify novel genetic variants associated with the response to immune-treatment in individuals from ethnic groups different from Brazilians.

Financial Support: this work has been supported by a grant from CNPq (n. 76713/2012-9)

Stem Cells and Tissue Engineering

Oliveira, SA¹; Souza, VCA¹; D'Assunção, CG²; Leão, RLC¹.

¹Centro de Pesquisas Aggeu Magalhães- FIOCRUZ, Recife, Pernambuco; ²Universidade Federal Rural de Pernambuco – UFRPE, Recife, Pernambuco

sheilla@cpqam.fiocruz.br

Keywords: Stem Cell, tissue engineering, Review

The discovery of stem cells has opened new possibilities for the treatment of chronic diseases with limited capacity for repair, and cell therapy has underscored in regenerative medicine and tissue engineering. Stem cell therapy is an interventional treatment that inserts new cells into damaged tissues, and help in treating many diseases and injuries. Stem cells are basic cells of all multicellular organisms having the potency to differentiate into wide range of adult cells. They retain the ability to renew themselves through mitotic cell division and can differentiate into a diverse range of specialized cell types. Though totipotency is shown by very early embryonic stem cells, the adult stem cells possess multipotency and differential plasticity which can act in the field of regenerative medicine. The two main stem cell types are embryonic stem cells (ES) and adult stem cells. Other types, such as induced pluripotent stem cells are produced in the lab by reprogramming adult cells to express ES characteristics. Experimental data and the first clinical trials employing stem cells have shown their wide therapeutic potential and have brought hope to patients who suffering from severe pathologies that affect different organs and systems. It has been proved that stem cell therapy is effective for the treatment of cancers, diabetes mellitus, Parkinson's disease, cardiovascular diseases, liver diseases, neurological disorders, and many other illnesses. Moreover, many questions regarding the application of stem cells remain unanswered, particularly tumorigenicity, immune rejection and danger of gene manipulation. Within the next few years, we will be able to find the best animal models and the appropriate stem cell type, stem cell number, injection route, all in benefits for the patients. Although stem cell therapy is in initial stage currently, it probably will become a real therapeutic option for chronic diseases.

Financial Support: FIOCRUZ, FACEPE and CNPq

Caracterização da fração orgânica de MP particulado oriundo da queima de biomassa e seu efeito na saúde

Batistuzzo de Medeiros, SR¹; Alves, NO²; Galvão, MFO¹.

¹Laboratório de Mutagênese Ambiental, UFRN, Natal, RN; ²Laboratório de Poluição do Ar, faculdade de Medicina, USP, SP

sbatistu@gmail.com

Palavras-chave: material particulado, fração orgânica, linhagem A549, genotoxicidade, morte celular

Queima de biomassa é uma atividade bastante praticada no Brasil, sendo usada para desmatamento de floresta, colheita da cana de açúcar, produção de castanha de caju, entre outros fins. Esta combustão gera uma grande quantidade de material particulado (MP), mistura complexa de diferentes dimensões, que é reconhecidamente danosa à população. Neste trabalho, foi objetivo caracterizar o perfil químico, sobretudo dos hidrocarbonetos policíclicos aromáticos (HPAs), presentes no MP oriundo da queima de floresta e da castanha de caju, bem como compreender sua ação celular. Para tanto, após preparação dos extratos orgânicos, contendo os HPAs, estes foram expostos à linhagem celular A549, derivadas de epitélio pulmonar. Análises de citotoxicidade, genotoxicidade e morte celular foram realizadas. Além da mistura complexa, alguns HPAs foram analisados de forma isolada. Os resultados mostraram que a fração orgânica do MP oriundo de ambas as amostras, tem baixa citotoxicidade, sendo genotóxica. Para levar a morte celular, é preciso uma alta concentração e elevado tempo de cultivo celular, sendo a necrose, o tipo de morte celular predominante. Este resultado suporta a observação de que o material particulado gera graves problemas de ordem respiratória aguda nas populações a ele expostas.

Suporte Financeiro: CNPq

High-throughput 'omics' data from sugarcane endophytic diazotrophic bacteria reveal potential functions for agrobiotechnological applications

Schwab, S¹; Ribeiro, NVS^{1,2}; Terra, LA^{1,2}; Santos, CM^{1,2}; Soares, CP^{1,3}; Drechsel, MM^{1,2}; Galvão, PG¹; Teixeira, KRS¹; Vidal, MS¹; Simoes-Araujo, JL¹; Baldani, JI¹.

¹Embrapa - Centro Nacional de Pesquisa em Agrobiologia, Seropédica, RJ; ²Instituto de Agronomia, UFRRJ, Seropédica, RJ; ³Centro de Ciências da Saúde, UFRJ, Rio de Janeiro, RJ

stefan.schwab@embrapa.br; ivo.baldani@embrapa.br

Keywords: Endophytes, plant growth promotion, omics approaches

Sugarcane is an important culture in Brazil, with high economic support and social relevance. Contribution of biological nitrogen fixation (BNF) to nitrogenous nutrition of the sugarcane plant has been demonstrated through several studies. Exploration of this phenomenon has caused significant decrease of costs with fertilizers, and reduction of environmental impacts of producing and using these agricultural inputs. Inoculation assays have shown that endophytic bacteria have potential for supplying N derived from BNF to the plant-soil system, and for exerting plant growth promotion through other activities such as phyto-hormone production or pathogen control. These bacteria include *Herbaspirillum seropedicae* strain HRC54, *H. rubrisubalbicans* HCC103, *Azospirillum amazonense* CBAmc, and *Burkholderia tropica* Ppe8, which constitute collectively the Embrapa's sugarcane inoculant. Structural and functional genomics including proteomics studies have been conducted on these strains. Structural genomics using Sanger sequencing, SOLiD and/or Illumina platform have shown the presence of genes potentially involved in plant health, nutrition and defense against pathogens. Functional genomics consisting either on sequencing total RNA (RNA-Seq) on SOLiD and/or Illumina platform, or identifying proteins through mass spectrometry, have determined conditions in which part of these genes and respective protein products are expressed or not. Part of the results will be presented, specially concerning structural and functional genomics on *A. amazonense*, and proteomics on *G. diazotrophicus*. Also, in order to better understand the genetic diversity, population structure, ecological role and functional characteristics of endophytic bacteria in sugarcane, a metagenomic survey has been conducted, and preliminary results will be presented. In future, high-throughput 'omics' data from sugarcane endophytic bacteria may have consequences on distinct disciplines such as culture management and agrobiotechnological development.

Financial Support: Embrapa, CNPq (INCT-FBN) and Faperj

Proteomics of crop and native plant species: potentials and applications

Calsa Jr, T¹.

¹Departamento de Genética, Centro de Ciências Biológicas, UFPE, Recife, PE

tercilio@ufpe.br

Keywords: plant proteomics, 2D-PAGE, mass spectrometry, molecular physiology

Plant proteomics have emerged as complementary in post-genomic research era on plant biology. Molecular data integration to phenotype information keeps being the main focus of proteome study usefulness for plant biodiversity and crop breeding. Main strategies are grouped in gel-based or gel-free methods, and also the experimental approach can be usually classified as 'top-down' or 'bottom-up' according to available completed plant genomes and research scale focus. Traditional techniques are gradually being replaced by more high-throughput and accurate methods, revealing progresses from optimizing protein extraction and solubilization to peptide separation, detection and putative identification in datasets, and to experimental validation. Several model, crop and native species have been addressed in proteome unraveling studies with diverse objectives, ranging from specific qualitative screenings of translation to the comparative quantitation of differential proteins potentially involved in relevant biological processes. Here, more efforts have been driven to plant stress responses and to the discovery of novel molecular mechanisms of plant adaptation to adverse environments. Plant proteomics data are potentially useful as functional molecular markers for plant breeding and as novel strategies in biotechnological approaches in agriculture, medicine and industry plant-related demands.

Financial Support: CNPq, CAPES, FACEPE, FAPESP, UFPE.

Identification of new germ-line mutations in Brazilian high-risk patients for breast cancer

Petta, TB¹.

¹Liga Norte-Riograndense contra o Câncer

pesquisaclinica.tirzah@liga.org.br

Keywords: Breast Cancer, BRCA1/2, molecular diagnosis, germ-line mutations, next-generation sequencing

Breast cancer (BC) is the most common malignancy affecting women worldwide, with 15% of disease attributed to hereditary factors. Although BRCA1 and BRCA2 (*Breast Cancer* 1 and 2) account for a high percentage of hereditary cases, our knowledge of the heritability of BC has increased significantly in the last years, and now, more than 30 genes are associated with BC risk. In 2011, the team of Dr. Mary-Claire King, responsible for BRCA1 identification, had validated a massively parallel sequencing approach (Next Generation Sequencing, NGS) highly sensitive for sequencing a panel of 33 tumor suppressor genes, including BRCA1 and BRCA2 and other genes known to cause inherited BC, named BROCA. The present study was designed to identify new mutations in high susceptibility genes in familial BC. Since 2014, Brazilian patients who hold a private health insurance can benefit from genetic test according to its criteria. Here we have showed that instead to test firstly BRCA1 and BRCA2, and if these genes do not present any germ-line mutation, test other genes, it is much more rapid, simple and cost-effective to study a multi-gene panel using NGS. Thus, we have concluded that for BC risk assessment the geneticist should consider familial history of others primary tumors than breast and ovarian, and thus include evaluation of other tumor suppressor genes. In addition, studies of this nature will help to establish a more complete guideline for the clinical management and follow-up of patients with a suspected hereditary cancer predisposition.

Financial support: CNPq, CAPES, FAPERN.

Cultura e melhoramento da mandioca

Santos, V.S.¹

¹Embrapa Mandioca e Fruticultura

vanderlei.silva-santos@embrapa.br

Palavras-chave: Amido, *screening*

A mandioca pertence ao gênero *Manihot*, o qual ocorre da Argentina aos Estados Unidos. Embora esse gênero seja formado por mais de 90 espécies, toda a mandioca cultivada pertence a apenas uma, a *Manihot esculenta* Crantz. Embora produza sementes botânicas, a propagação comercial é feita usando-se pedaços do caule, as manivas. As variedades (clones) dessa espécie são divididas em bravas e mansas, com base no teor de compostos cianogênicos das raízes: são considerados bravos os clones com mais de 100 ppm de compostos cianogênicos, empregados na produção de farinha e/ou amido. A mandioca mansa (abaixo de 100 ppm), também conhecida como aipim, macaxeira ou mandioca de mesa, é consumida cozida, frita ou sob a forma de bolos, purês ou salgados. Embora a produção brasileira de mandioca seja empregada principalmente na produção de farinha, o consumo desse produto vem diminuindo nos últimos anos. A demanda por amido, entretanto, está aumentando, em razão das suas diversas aplicações industriais. O amido tal como é extraído da planta é denominado nativo, para diferenciar do modificado, obtido nas indústrias. Há possibilidade de obter amidos modificados via melhoramento genético. Um exemplo é o amido ceroso ou *waxy*, comum em milho, e que foi obtido em mandioca pelo Centro Internacional de Agricultura Tropical-CIAT, por autofecundação. Em razão da grande importância desse produto, uma das metas do melhoramento de mandioca atualmente é obter clones com altos teores de amido, e que esse possua propriedades industriais diferenciadas. Em mandioca de mesa, uma linha de pesquisa é a biofortificação, na qual se procura aumentar o teor de betacaroteno (pró-vitamina A), cuja deficiência pode causar problemas de visão e dificuldades de aprendizado. A disponibilidade de metodologias que auxiliem na seleção é importante em qualquer programa de melhoramento genético. Assim, está sendo desenvolvida metodologia para seleção visando tolerância à deterioração fisiológica de pós-colheita, que faz com que as raízes de mandioca tenham que ser processadas em no máximo 2-3 dias após a colheita. Pelo fato de o Brasil ser centro de diversidade (e provavelmente de origem) da mandioca, existe uma grande variabilidade genética nessa cultura, e em consequência, praticamente cada comunidade tem o seu clone preferido. Entretanto, as espécies de propagação vegetativa sofrem uma diminuição do vigor, decorrente da transmissão de insetos-praga e patógenos, por meio dos propágulos ano após ano. Isso pode resultar em abandono de uma determinada variedade pelos agricultores, uma vez que a diminuição do vigor pode comprometer a produção de manivas, o material propagativo. Assim, está em andamento um projeto que visa coletar os principais clones cultivados em determinadas regiões, submetê-los à cultura de meristemas, de forma a recuperar o vigor, e devolvê-los aos agricultores da região de origem.