

NORMAS PARA ENVIO DE RESUMO I SIMGEMA

- 1) O resumo do trabalho deverá ser enviado **somente via eletrônica (email: sbgregionalma@hotmail.com e no formato DOC/DOCX**. Não receberemos arquivo no formato **PDF**.
- 2) Encaminhe apenas resumo de trabalho **inédito** (não publicado).
- 3) O autor apresentador do trabalho deverá inscrever-se no Simpósio. A submissão do trabalho só será considerada após o recebimento da ficha de inscrição e a efetivação do pagamento.
- 4) Um autor pode inscrever e apresentar **um único trabalho**, podendo ser co-autor de outros resumos.
- 5) Os resumos inscritos serão analisados pela Comissão Científica do Congresso e o resultado estará disponível no email do autor.
- 6) A análise abrangerá os seguintes aspectos: objetivos relevantes, claramente definidos; metodologia adequada; resultados apresentados com clareza; conclusões pertinentes.
- 7) A qualidade do texto (gramática, ortografia e digitação) é de **responsabilidade** do autor e será considerada como **critério de avaliação** pela Comissão Científica.
- 8) Não serão aceitas descrições de projetos, intenção de trabalho, revisões bibliográficas ou trabalhos já publicados.
- 9) Não serão aceitas inscrições com trabalho após o dia 25 de maio.
- 10) Os trabalhos selecionados deverão ficar expostos, na forma de painel, durante o I Simpósio de Genética do Maranhão. A área reservada para cada painel será de **1m x 1m**.
- 11) O Painel deverá vir acompanhado da **cordinha para fixação e/ou fita adesiva**.

ÁREA PARA APRESENTAÇÃO DE TRABALHOS

- 01 - ENSINO.
- 02 - GENÉTICA, EVOLUÇÃO E MELHORAMENTO DE PLANTAS.
- 03 - GENÉTICA, EVOLUÇÃO E MELHORAMENTO ANIMAL.
- 04 - GENÉTICA E EVOLUÇÃO HUMANA E GENÉTICA MÉDICA.
- 05 - GENÉTICA DE MICRORGANISMOS.
- 06 - MUTAGÊNESE.

O número de palavras (da introdução até a conclusão) deve ficar entre 200 a 450 palavras (contar com "ferramenta" do Word).

MODELO DE RESUMO:

Divergência Genética em *Leporinus piau* Fowler, 1941 (Characiformes, Anostomidae) a partir de sequências do gene rRNA 16S

Fraga, E¹; Silva, LMM¹; Gualter, PKC¹; Sucupira, IG¹; Barros, MC¹; Sampaio, I²

¹Laboratório de Genética e Biologia Molecular óCESC/UEMA, Caxias-MA. ²Laboratório de Genética e Biologia Molecular/IECOS óCampus de Bragança/UFGA, Bragança-PA.

elmaryfraga@yahoo.com.br

Palavras-chave: Piaus, DNA mitocondrial, Rio Parnaíba, Rio Poti, Rio Itapecuru

Leporinus piau Fowler, 1941 tem como localidade-tipo o rio Salgado (Icó) no estado do Ceará, sendo também encontrada com frequência em diferentes bacias do Nordeste brasileiro, como São Francisco, Parnaíba e Itapecuru. Em virtude de sua abundância ao longo de sua distribuição esta espécie tem sido explorada nas pescas artesanal e esportiva e também como peixe forrageiro. Em cativeiro, apresenta condições favoráveis para ser utilizada na piscicultura por aceitar bem ração peletizada e extrusada. No gênero *Leporinus* a morfologia é bastante similar diferindo apenas em alguns caracteres morfométricos e no padrão de coloração. No entanto os *taxons* morfologicamente similares exibem diferenciação genética que sugerem evidências de isolamento. Na tentativa de conhecer os índices de divergência genética de *L. piau*, sequências do gene rRNA 16S foram obtidas de espécimes oriundos da bacia do rio Itapecuru, Parnaíba e Poti. O DNA foi isolado utilizando-se o protocolo de fenol-clorofórmio e a amplificação da região de interesse, foi realizada via PCR. Os produtos das PCRs foram seqüenciados utilizando-se o método didesoxiterminal. As seqüências foram editadas e alinhadas no programa BIOEDIT e as análises filogenéticas geradas no programa MEGA4. Foram adicionadas seqüências do Genbank de *L. piau* oriundas da bacia do São Francisco (EU181563/voucher LBP260 4161, EU181564/voucher LBP260 4162 e HM015214/voucher LBP260 4309) e de *Prochilodus nigricans* (AY788075) usada como grupo externo. Os resultados da análise de um fragmento de 433 pb revelaram uma elevada divergência genética (7 a 8%) entre os haplótipos de *L. piaui* (voucher MZUSP 104576) da bacia do rio Itapecuru e os haplótipos dos rios Poti e Parnaíba. A divergência genética entre os haplótipos da bacia do rio Itapecuru e do rio São Francisco variou de 3 a 7%. A reconstrução filogenética gerou árvores com topologia similar mostrando três clados distintos, o clado I que agrupou os haplótipos de *L. piau* do rio Itapecuru (100% *bootstrap*), o clado II os haplótipos de *L. piau* do São Francisco, seqüências do GenBank (100% *bootstrap*) e o clado III os haplótipos do rio Poti e Parnaíba fortemente agrupados com 99% de *bootstrap* com outra seqüência do GenBank HM015214/voucher LBP260 4309. Embora as variações do gene rRNA 16S não possibilitem uma quantificação de variabilidade genética na maioria dos organismos, foi possível detectar níveis elevados de divergência genética em *L. piau* o que sugere um padrão de diferenciação para esta espécie nas diferentes bacias em estudo e consequentemente contribui na resolução de questões taxonômicas que comprometem o sucesso de programas de manejo e conservação desta espécie que apresenta grande potencial na piscicultura.

Apoio financeiro: FAPEMA/UNIVERSAL N°. 10/2009, BNB, UFGA e UEMA.

O TRABALHO SÓ SERÁ ENCAMINHADO PARA AVALIAÇÃO SE O PAGAMENTO DE QUEM SUBMETEU FOR REALIZADO ATÉ A DATA LIMITE DE ENVIO DOS RESUMOS: 25/05/2012.