

## 14 - GENÉTICA DE POPULAÇÕES

agarose 2%, contendo brometo de etídio. As frequências gênicas e genótípicas observadas encontraram-se em equilíbrio de Hardy-Weinberg. Os alelos H<sup>+</sup> e P<sup>+</sup> (sítio de restrição presente) foram observados em 75% e 51% dos cromossomos, respectivamente, e os genótipos mais freqüentes foram H<sup>+</sup>H<sup>+</sup> (55%) e P<sup>+</sup>P<sup>+</sup> (48%). Os haplótipos H<sup>+</sup>P<sup>+</sup> (46%) e H<sup>+</sup>P<sup>-</sup> (29%) foram os mais comuns dos quatro haplótipos observados nesta população. A distribuição haplotípica observada em Belém não diferiu da obtida, por nosso grupo, em caucasóides de Porto Alegre e na tribo indígena Wai Wai, também localizada no Pará. Órgãos financiadores: PRONEX, FINEP, CNPq e FAPERGS.

---

**14-026 CARACTERIZAÇÃO DE OVINOS DA RAÇA SANTA INÊS ATRAVÉS DE POLIMORFISMOS DE PROTEÍNAS.** Maria A. C. Lara<sup>1</sup>, Tatiana M. Delben<sup>1</sup>, Mauro B. Sartore<sup>2</sup>, Eduardo A. Cunha<sup>2</sup> & Luiz E. Santos<sup>2</sup>. 1. Centro de Genética e Reprodução. 2. Centro de Etologia e Ambiência, Instituto de Zootecnia, 13.460-000, caixa postal 60, Nova Odessa, SP, malara@izsp.br.

O ovino deslanado descende de animais portugueses e africanos, introduzidos durante a colonização do Brasil. Esses animais passaram por um longo período de seleção natural, que lhes permitiu sobreviver às condições de clima quente e seco do nordeste, substituindo a lã por pêlo curto. A raça Santa Inês formou-se do cruzamento de animais Morada Nova com ovinos da raça Bergamácia, tendo também a influência de outras raças. Essa raça vem sendo selecionada no estado de São Paulo para atender à produção de cordeiros para abate, mostrando-se extremamente prolífera e mais resistentes que raças européias especializadas. Foram investigados dois rebanhos Santa Inês, pertencentes ao Instituto de Zootecnia, localizados nos municípios de Nova Odessa (48 amostras) e Gália (88 amostras), do estado de São Paulo, objetivando-se investigar a variabilidade e as suas relações genéticas com outras raças ovinas. Os sistemas estudados foram hemoglobina (Hb), anidrase carbônica (CA), esterase-D (Est-D), peptidase-B (Pep-B), fosfogliconato desidrogenase (PGD), transferrina (Tf), enzima málica (EM) e catalase (Cat). Com exceção de Ca, Pep-B, PGD, todos os locos mostraram-se polimórficos. O teste exato de Fisher revelou que as diferenças em frequências alélicas não são significativas ( $P=0,5321$ ). Para os locos Cat e EM, os desvios das proporções genótípicas em relação às esperadas para o equilíbrio de Hardy-Weinberg foram significativos nos rebanhos de Nova Odessa ( $P=0,0404$ ) e Gália ( $P=0,0112$ ), respectivamente, e para Tf, em ambos os rebanhos ( $P<10^{-4}$ ). Os excessos de homocigotos (Cat e EM) e de heterocigotos (Tf) detectados, provavelmente, sejam decorrentes de acasalamentos direcionais, tamanho efetivo relativamente pequeno e da seleção que vem sendo feita nos rebanhos, visando a produção de carne. Os valores médios da heterocigosidade observada nas populações de Nova Odessa e Gália foram inferiores às médias esperadas para tais populações, cujos valores foram 0,257 e 0,246, respectivamente. Esses resultados refletem níveis acentuados de endogamia, o que já era esperado. Os dendrogramas construídos através dos métodos de *Neighbor Joining* e UPGMA, a partir das matrizes de distâncias genéticas revelaram dois *clusters* principais: um agrupando as duas populações Santa Inês e, o outro, as duas raças nativas da Espanha, com as raças Merino Australiano e Crioulo Lanado totalmente isoladas. Esses resultados obtidos são concordantes com os valores pequenos de  $F_{ST}$  (0,0012), indicando uma grande similaridade entre os rebanhos Santa Inês, podendo ser considerado como uma única população. Além disso, esses resultados serão utilizados em estudos de relação filogenética e programa de cruzamento, visando estimar a composição racial favorável para uma boa produção de carne aliada aos aspectos de rusticidade. Apoio Financeiro: FAPESP e Instituto de Zootecnia

---

**14-027 PROTOCOLO DE AVALIAÇÃO ISOENZIMÁTICA DE PIMENTA LONGA (*Piper hispidinervum*).** Marcelo Nascimento de Oliveira<sup>1</sup> e Paulo Yoshio Kageyama<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Embrapa Acre - Rio Branco (marcelo@cpafac.embrapa.br) e <sup>2</sup>ESALQ-USP (Departamento de Ciências Florestais - Laboratório de Reprodução e Genética de Espécies Arbóreas - Piracicaba - SP)

No Brasil, como em outros países de clima tropical, explorações puramente extrativistas vêm sendo empregadas para espécies nativas. Torna-se claro que, com a extinção das espécies, perdem-se informações importantes no que concerne às particularidades genéticas das populações e o potencial de exploração das espécies nativas para viabilizar a utilização em prol das comunidades locais. Neste contexto, tornam-se necessárias pesquisas sobre a estrutura e variabilidade genética de espécies extrativistas tradicionais e/ou de potencial ecológico e econômico, que poderão contribuir para a definição de novos rumos para o extrativismo e manejo florestal. A pimenta longa (*Piper hispidinervum*) é uma planta de alta rusticidade, podendo formar populações de grande densidade em áreas de capoeira, onde domina perante as demais espécies. O interesse maior relacionado a essa espécie é a produção de um óleo essencial rico em safrol. Na Amazônia brasileira, esta planta nativa apresenta-se como a única alternativa viável no fornecimento do safrol até o momento. Sendo uma espécie pouco conhecida geneticamente, desenvolveu-se um protocolo de análise isoenzimática com o objetivo de avaliar a estrutura genética e distribuição da variabilidade genética entre as populações nativas da espécie. O referido protocolo foi desenvolvido e adaptado no Laboratório de Reprodução e Genética de Espécies Arbóreas (LARGEA), localizado na USP-

ESALQ (Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz), em Piracicaba - SP. Na extração do material, utilizou-se nitrogênio líquido em cadinhos de porcelana para melhor maceração do tecido foliar. Foram avaliados três soluções extratoras (Soltis 3, Acelino-1 e Tsukuba); quatro tampões cuba-gel (CM, TCB, Histidina, TC) e 16 sistemas enzimáticos (MDH, LAP, ACP, PGI, PGM, 6PGDH, IDH, SKDH, GOT, G2DH, ADH, SDH, ME, CAT,  $\alpha$ -EST, PO), em todas as combinações possíveis. SOLTIS 3 completa foi a que melhor se comportou com relação aos padrões de banda revelados. O sistema de tampão eletrodo/gel Citrato Morfolina (CM) para eletroforese de isoenzimas em *Piper hispidinervum* apresentou melhor desempenho na resolução dos sistemas de coloração selecionados. Apenas quatro sistemas enzimáticos apresentaram confiabilidade nos padrões de bandas. Em MDH e 6PGDH houve a presença de duas zonas de atividade enzimática formadas por dois locos, sendo um monomórfico (na região catódica do gel), apresentando apenas um alelo (fixado) e outro loco polimórfico contendo duas subunidades (enzima dimérica) na região anódica do gel. Nos sistemas IDH e SKDH revelou-se apenas uma região com atividade enzimática, formada por um loco polimórfico contendo duas subunidades (enzima dimérica). Órgãos financiadores: LARGEA, DFID, Embrapa.

**14-028** MEDIDA DA FERTILIDADE DE MOSCAS DA GERAÇÃO  $F_1$  DE LINHAGENS MUTANTES DE *Drosophila sturtevantii*. Guilherme Gigliotti Leoneli e Wladimir João Tadei. Departamento de Biologia - IBILCE / UNESP, São José do Rio Preto - SP.

Dentre os componentes do valor adaptativo ressalta-se a fertilidade, pois este é o parâmetro que inclui todos os aspectos relacionados com a atividade reprodutiva. O estudo deste componente sob diferentes condições pode fornecer informações importantes sobre a adaptação de linhagens mutantes. No presente trabalho foram utilizados dois mutantes de *Drosophila sturtevantii* que apresentam alterações nas asas, o *stm* com asas encrespadas e curvadas para cima e o *stb* que possui asas curvadas para baixo e ligeiramente divergentes. Foram utilizadas ainda moscas selvagens do estoque SR e também moscas selvagens *sts*, porém sendo estas descendentes dos cruzamentos de mutantes. Os experimentos foram realizados em garrafas de  $\frac{1}{4}$  de litro com meio de cultura à base de fubá, em câmara de temperatura constante a  $20 \pm 1,0^\circ\text{C}$ . As moscas  $F_1m$  foram obtidas dos cruzamentos parentais *stm* x *stm*, as  $F_1b$  dos cruzamentos *stb* x *stb*, e as  $F_1s$  de ambos os cruzamentos parentais. Machos e fêmeas foram retirados virgens e mantidos isolados por 7 dias, sendo então acasalados e mantidos por uma semana para oviposição, e descartados em seguida. Foram montados com 10 casais, 7 grupos de cruzamentos com 7 réplicas para cada grupo:  $F_1m$  x  $F_1m$ ,  $F_1b$  x  $F_1b$ ,  $F_1s$  x  $F_1s$ ,  $F_1m$  x SR, SR x  $F_1m$ ,  $F_1b$  x SR e SR x  $F_1b$ . Os imagos produzidos em cada garrafa foram contados por sexo e total de cada fenótipo, a cada dois dias, até o final da emergência. A produtividade total foi de 3893, 3934, 3718, 3663, 2821, 3718 e 3758 moscas, respectivamente para os 7 tipos de cruzamentos, sendo que os quatro últimos só apresentaram descendentes selvagens, como já esperado. As médias para o total de machos e fêmeas dos 7 grupos de cruzamentos não diferiram significativamente da proporção 1:1 quando comparadas pelo teste *t* de Student. Os cruzamentos  $F_1m$  x  $F_1m$  produziram 40,7% de indivíduos selvagens e 59,3% mutantes, apresentando estes, para as 7 réplicas, média de  $177,1 \pm 14,4$  para *stb* e  $152,7 \pm 22,7$  para *stm*. Os cruzamentos  $F_1b$  x  $F_1b$  apresentaram 47,9% de descendentes selvagens e 52,1% mutantes, sendo  $273,0 \pm 4,4$  *stb* e  $19,9 \pm 2,1$  *stm*, enquanto  $F_1s$  x  $F_1s$  produziram 63,9% selvagens e 36,1% mutantes, destes,  $164,0 \pm 19,0$  eram *stb* e  $27,7 \pm 2,7$  *stm*. Estes dados, e outros resultados obtidos anteriormente, mostram que estes mutantes estão sob controle de poligenes, apresentando um padrão de herança bastante complexo. Auxílio Financeiro: CAPES

**14-029** ANÁLISE DA DIVERSIDADE E DISTRIBUIÇÃO GEOGRÁFICA DE ESPÉCIES DA FAMÍLIA GYMNOTIDAE (PISCES: GYMNOTIFORMES) EM BACIAS DO SUDESTE BRASILEIRO ATRAVÉS DO MARCADOR MOLECULAR MICRO11. F.M.C. Fernandes-Matioli, S.R. Matioli e L.F. Almeida-Toledo. Depto. de Biologia, Instituto de Biociências, USP. fmc campos@ib.usp.br

A família Gymnotidae (Pisces: Gymnotiformes) apresenta apenas um gênero, *Gymnotus*, de peixes de água doce fracamente elétricos com ampla distribuição Neotropical. Considerando as 15 espécies nominiais descritas até o momento, é na bacia Amazônica, onde são assinaladas 9 espécies, que melhor se conhece a diversidade de espécies como também sua distribuição geográfica. Nas demais bacias hidrográficas brasileiras são escassas as informações sobre diversidade de espécies, distribuição geográfica e estrutura populacional no gênero *Gymnotus*. Nas bacias do sudeste brasileiro encontram-se assinaladas 4 espécies: *G. carapo*, *G. inaequilabiatus*, *G. pantherinus* e *G. sylvius*. Dados citogenéticos e de padrões de descargas dos órgãos elétricos (DOE) encontrados na literatura são inconclusivos para a identificação de