

POLIMORFISMO DE GENES METABOLIZADORES DE XENOBIÓTICOS NA POPULAÇÃO BRASILEIRA. Andréa Regina Baptista Rossit^{PG} & Nívea Dulce Tedeschi Conforti Froes. Laboratório de Epidemiologia Molecular e Mutagênese (IBILCE - UNESP - São José do Rio Preto - SP).

Encontra-se estabelecida a existência de considerável variação na população humana quanto à produção de enzimas que ativam a formação de metabólitos eletrofílicos ou que catalisam a destoxificação de carcinógenos. Os distúrbios no balanço entre ativação e destoxificação podem explicar as variações individuais em resposta à exposição carcinogênica. O presente trabalho tem como objetivo a identificação do polimorfismo na população brasileira dos genes *CYP2E1-PstI* do citocromo P450 e das glutation-S-transferases (GSTs) *GSTT1* e *GSTM1*, por considerar ser esse um passo inicial na estimativa de riscos em subgrupos da população brasileira expostos a agentes xenobióticos. Para tanto, o DNA foi isolado a partir do sangue periférico de 188 indivíduos e submetido à reação de PCR multiplex (GSTs) ou ao PCR-RFLP (*CYP2E1*). A frequência de genótipos nulos obtida para *GSTT1* e *M1* foi de 26,3 e 45,3%, respectivamente, enquanto a frequência do alelo mutante *CYP2E1*c2* foi 0,10. A origem étnica da população brasileira é heterogênea e composta por imigrantes Europeus, Africanos, Asiáticos e por populações indígenas. As frequências do genótipo nulo para as GSTs são similares àquelas já descritas em outras populações, enquanto a frequência do alelo *CYP2E1*c2* tem diferença estatisticamente significativa quando comparada à população japonesa. Esses e outros dados, contribuirão para a otimização de programas de prevenção do câncer através da epidemiologia molecular.

CNPq^{PG} e FAPESP^{PG}

DESEQUILÍBRIO CITONUCLEAR ENTRE MDH-1 E PGM-1 E PADRÕES DE RESTRIÇÃO GERADOS POR NUCLEASES EM LOCOS MITOCONDRIAIS DE *Apis mellifera*. Rogério Oliveira Souza, Marco Antonio Del Lama & Ademilson E. E. Soares. Departamento de Genética e Evolução (UFSCar, São Carlos, SP).

Este trabalho objetiva verificar a ocorrência de desequilíbrio citonuclear entre marcadores nucleares (*Mdh-1* e *Pgm-1*) e marcadores mitocondriais (o sítio HincII no loco COI, e os sítios XbaI e DraI na região intergênica COI-COII) em abelhas provenientes das diferentes regiões do Chile. Este país tem sua apicultura baseada em abelhas de origem Européia, mormente *Apis mellifera mellifera* e *Apis mellifera ligustica*. Os fenótipos de *Mdh* e *Pgm* foram determinados em extratos de tórax de operárias adultas através de eletroforese em gel de amido. Os genes mitocondriais foram amplificados via PCR, seguindo-se a digestão pelas nucleases respectivas e os produtos desta foram visualizados em géis de agarose corados com brometo de etídeo ou em géis de poliacrilamida corados com prata. Resultados preliminares apontam para a ocorrência de, pelo menos, oito mitótipos diferentes nas amostras analisadas para o sítio Dra I, dos quais quatro descritos anteriormente. Os achados referentes aos sítios XbaI e HincII indicam que as colônias apresentam um mitótipo *ligustica* ou *mellifera* em proporções semelhantes. Estes achados permitirão verificar, além do possível desequilíbrio citonuclear, se está ocorrendo uma distribuição latitudinal destes fenótipos ao longo do país, caracterizando, assim, um gradiente produzido por fatores do ambiente.

FAPESP^G

ESTRUTURA SOCIOGENÉTICA DAS COLÔNIAS DE *Polistes versicolor* (HYMENOPTERA: VESPIDAE). Caroline Vivian Gruber^G & Marco Antonio Del Lama. Departamento de Genética e Evolução (Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, SP).

Este trabalho foi proposto com o objetivo de responder às questões: a) fêmeas não aparentadas se associam para fundar as colônias de *Polistes versicolor*? b) em ninhos com áreas de postura discretamente distribuídas, ocorre poliginia e territorialidade? A resposta a estas questões foi procurada através da utilização de onze marcadores bioquímicos (Est-1, Est-2, Sod-1, Sod-2, PepA, Pgm-1, Pgm-2, Lap-4, Adh, a-Gpdh e b-Hbdh) estabelecidos nesta espécie através de eletroforese em gel de amido. Estes locos apresentaram níveis de heterozigosidade muito variáveis, refletidos pela proporção de colônias que apresentaram estas variantes genéticas. Alguns destes marcadores foram observados em ninhos de uma única área, constituindo-se em polimorfismos privados e indicando um baixo fluxo gênico entre as colônias amestradas. A análise das segregações fenotípicas para os diferentes locos sugerem fortemente a ocorrência de poliginia. Três entre quinze ninhos analisados apresentavam posturas discretamente distribuídas, nestes, as segregações fenotípicas observadas em pupas não forneceram suporte adicional para a ocorrência de territorialidade em *Polistes versicolor*. Nos ninhos de fundação, os fenótipos observados nas diferentes fêmeas sugerem a presença de uma fêmea não aparentada entre as associadas.

FAPESP^G.

TENDÊNCIA GENÉTICA DOS PESOS AOS 205 DIAS DE IDADE DE BOVINOS DA RAÇA NELORE NO MATO GROSSO DO SUL. Paulo B. Ferraz Filho (UFMS), Julio César de Souza (UFPR), Luiz Otávio Campos da Silva (EMBRAPA), Maurício Mello de Alencar (EMBRAPA), Kepler Euclides Filho (EMBRAPA), Luciana Fernandes^G (UFMS)

Considerando a importância do melhoramento genético para a pecuária de corte nacional, torna-se evidente a necessidade não só de implementação de bons programas de seleção, mas também fica clara a importância de se monitorar os progressos que vêm sendo obtidos pela sua implementação para que se possa, eventualmente, proceder ajustes. Assim, este estudo foi conduzido com o objetivo de estimar as mudanças genéticas, fenotípicas e ambientais sobre o peso aos 205 dias de idade (P205) de 17241 bovinos da raça Nelore, nascidos entre 1978 e 1994 na região Campo Grande - Dourados. Utilizou-se o método do uso repetido de touros em anos sucessivos, com o uso de coeficientes de regressão lineares das médias anuais dos P205 em função do ano de nascimento dos bezerras obtidos pelo método dos quadrados mínimos a partir de dois modelos estatísticos: um deles, incluindo apenas efeitos fixos de ano, mês de nascimento, sexo, fazenda e idade da vaca ao parto e o outro, mantendo o mesmo efeito fixo mais o efeito aleatório de touro. Os rebanhos analisados tiveram as mudanças: fenotípica anual de -0,022 kg/ano, a genética estimada foi de -0,187 kg/ano e a mudança de ambiente estimada foi de 0,165 kg/ano. As tendências genéticas indicam a necessidade de algum tipo de seleção. PALAVRAS CHAVES: gado de corte; Nelore; tendência genética.