

ESTRUTURAÇÃO GÊNICA EM MEXILHÕES EUROPEUS (*MYTILUS*) COM BASE EM ANÁLISE DE PCR-RFLP DO GENE DA PROTAMINA $\Phi 1$. A.M. Solé-Cava^{1,2}, D.R. Dixon³ e P.W.H. Holland⁴ 1-Depto Genética, Inst. Biologia, UFRJ; 2-Dep. Evolutionary Biology, University of Liverpool; 3-Plymouth Marine Laboratory, Plymouth; 4-Dep. Zoology, The Oxford University.

O gene da protamina $\Phi 1$ de *Mytilus edulis* foi sequenciado a partir de clones de seis indivíduos diferentes. A partir desta sequência foram desenhados primers de PCR específicos e detectados sítios de restrição polimórficos que foram então usados para o estudo de populações de *M. edulis* europeus. Um dos sítios de restrição era polimórfico para uma substituição neutra, enquanto que o outro era associado à deleção de um codon. Foram analisados 580 amostras, coletadas na Itália, Cornuália, Inglaterra, Ilha de Man e Escócia. As amostras foram mantidas vivas até a chegada no laboratório, onde o DNA foi extraído das brânquias e mantido a -70°C . O gene da protamina (260 bp) foi amplificado por PCR de alta estrigência, digerido separadamente com as enzimas HpaII e AclI e os fragmentos produzidos detectados por fluorescência em Visigel[®] a 6%. Quatro alelos foram observados com esse sistema, e polimorfismos cis e trans nos duplos heterozigotos foram diferenciados por digestões duplas. As populações se apresentaram em equilíbrio de Hardy-Weinberg local ($F_{IS} = -0.033$; NS), mas geograficamente estruturadas ($F_{ST} = 0.28$; $P < 0.001$) devido principalmente a uma alta diferenciação das populações do Mediterrâneo em relação às demais (teste de contingência, $P < 10^{-6}$). Os níveis de heterozigosidade foram duas vezes maiores para a substituição neutra do que para a não neutra, conforme previsto pela teoria neutralista de evolução molecular.

Auxílio financeiro: CNPq

ANÁLISE FILOGENÉTICA DOS AGENTES DA CROMOBLASTOMICOSE ATRAVÉS DO RAPD (Random Amplified Polimorphic DNA) E DE PARÂMETROS BIOLÓGICOS. Rachel Caligiorne, Ariovaldo Siqueira, Edilson Paiva, Maria A. Resende. Depto. Microbiologia, ICB-UFMG.

A cromoblastomicose é uma infecção crônica, granulomatosa que acomete pele e tecidos subcutâneos, causada por fungos negros, produtores de melanina, pertencentes à família *Dematiaceae*. Entre as espécies já descritas como agentes etiológicos estão: Fonsecaea pedrosoi, F. compacta, Rinocladiella aquaspersa, Phialophora verrucosa, Cladosporium carrionii. A classificação taxonômica destes agentes de forma mais apurada se faz necessário. Alguns parâmetros morfológicos e fisiológicos foram analisados, como: forma de conidiação, dimorfismo, temperatura ótima de crescimento, assimilação de nitrato, assimilação de açúcares, juntamente com o estudo do polimorfismo genético, através da técnica do RAPD. Foram feitas 10 reações de amplificação, usando 10 iniciadores diferentes, onde os padrões de bandas demonstraram um alto grau de polimorfismo intra e interespecífico. Os dados obtidos através do RAPD juntamente com os parâmetros biológicos foram analisados pelo programa Phylip (Phylogeny Inference Package), resultando na construção de uma árvore filogenética para estas espécies.

Auxílio Financeiro: CNPq, FAPEMIG, PRPq/UFMG.