



SINA BIOTEC

I SIMPÓSIO NACIONAL DE APLICAÇÕES BIOTECNOLÓGICAS

22 a 25 de Julho de 2014

www.sinabiotec.blogspot.com.br

Horizonte Científico

ISSN: 1808-3064

ANAIS



SINA
BIOTEC

I SIMPÓSIO NACIONAL DE APLICAÇÕES BIOTECNOLÓGICAS



Universidade Federal de Uberlândia



I Simpósio Nacional de Aplicações Biotecnológicas
II Simpósio Nacional de Nanotecnologia e
Nanomedicina

Revista Horizonte Científico
Volume , Suplemento , Julho 2014
ISSN: 1808-3064
Uberlândia|MG

Comissão Organizadora

COORDENADORA GERAL

Vivian Alonso Goulart

COORDENADORA DO I SINABIOTEC

Ana Paula Oliveira Nogueira

COORDENADOR DO II NANOMED

Luiz Ricardo Goulart Filho

COORDENADORES DA COMISSÃO CIENTÍFICA

Rone Cardoso e Rafael Nascimento

COORDENADORA DA COMISSÃO DE MINI-CURSOS

Paula Cristina Batista De Faria Gontijo

Comissão Organizadora (Secretaria)

Aline Gomes de Souza

Natália Bittencourt Melani

Fernanda Machado Croisfelt



**SINA
BIOTEC**

I SIMPÓSIO NACIONAL DE APLICAÇÕES BIOTECNOLÓGICAS



UFU

Universidade Federal de Uberlândia

Comissão Científica

Géssika Marçal Gomes

Gustavo Augusto Ferreira

Lorena Polloni

Paula Scanavez Ferreira

Comissão Organizadora de Mini-Cursos

Ana Caroline De Oliveira Junqueira

Brenda Daroz

Fabiane Moreira Vieira

Gláucia Rigotto Caruso

Comissão de Patrocínio

Aline Gomes de Souza

Fernanda Machado Croisfelt

Isabela Lemos de Lima

Lívia Martins Faria

Lorena Polloni

Lorraine Cristina Polloni

Natália Bittencourt Melani



SINA
BIOTEC

I SIMPÓSIO NACIONAL DE APLICAÇÕES BIOTECNOLÓGICAS



Universidade Federal de Uberlândia

Comissão De Apoio

Gustavo Santos de Oliveira

Isabela Lemos de Lima

Leandro Toshio Kochi

Rafael Ribeiro Folador

Paula de Souza Santos

Comissão de Apoio (Cerimonial)

Mariana Menezes do Nascimento Feldner

Patrick Barros Tibúrcio

Raphael Henrique Oliveira Da Silva

Comissão de Divulgação

Layara Santana de Carvalho

Lívia Martins Faria

Lorena Polloni

Lorraine Cristina Polloni

Maurício Moreira de Medeiros

Natália Bittencourt Melani

Renato Mendonça Borges

Apresentação

A Biotecnologia é uma área interdisciplinar fortemente ligada à pesquisa científica e tecnológica que tem como principal objetivo desenvolver processos e produtos utilizando agentes biológicos.

A Nanomedicina é a junção da medicina e da nanotecnologia, um dos ramos mais promissores da medicina contemporânea, com esforços científicos na busca de novos diagnósticos e tratamentos para doenças humanas, e que incorpora parte dos avanços biotecnológicos, com uma importante interação das ferramentas físicas, químicas e biológicas, para a solução dos agravos de saúde.

No Brasil, tanto a Biotecnologia quanto a Nanotecnologia fazem parte das principais linhas de ação de Pesquisa, Desenvolvimento e Inovação em áreas consideradas estratégicas pelo Ministério de Ciência, Tecnologia e Inovação (MCTI).

Portanto, propomos discutir e apresentar os avanços dos pesquisadores brasileiros nestas áreas, no período de 22 a 25 de julho de 2014, quando realizaremos os eventos conjuntos, **I Simpósio Nacional de Aplicações Biotecnológicas (I SINABIOTEC)** e **II Simpósio Nacional de Nanotecnologia e Nanomedicina (II NANOMED)**.



O **I SINABIOTEC** reunirá cientistas e profissionais das diferentes áreas da Biotecnologia trazendo temas atuais e possibilitando estabelecer fortes colaborações em projetos de pesquisa e parcerias com grandes empresas da área. O evento consistirá de palestras técnicas, mini-cursos práticos e teóricos e apresentação de resultados de pesquisas realizados pelos acadêmicos em uma Sessão de Painéis. Neste **ANAIS** apresentamos os resumos aprovados e que serão publicados na Revista Horizonte Científica.

O **II NANOMED** terá a presença de pesquisadores nacionais e internacionais renomados, permitindo o conhecimento dos resultados de pesquisas mais recentes na área de Nanotecnologia e Nanomedicina, bem como a interação entre pesquisadores, acadêmicos e professores.

Estamos felizes por poder receber renomados cientistas e participantes destes dois eventos, que celebram os 20 anos do Curso de Pós-Graduação em Genética e Bioquímica e os 15 anos do Instituto de Genética e Bioquímica.

Profa. Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira

Coordenadora do I SINABIOTEC

Prof. Dr. Luiz Ricardo Goulart

Coordenador do II NANOMED

Profa. Dra. Vivian Alonso Goulart

Coordenadora Geral do Evento



I Simpósio Nacional de Aplicações Biotecnológicas

Universidade Federal de Uberlândia, Anfiteatro Bloco 8C,
Campus Umuarama, 22 e 23/07/2014

Dia 22/07/2014: Mini-Cursos

Práticos

1- **Título:** Seleção e Modelagem Estrutural de Alvos Vacinais

Palestrantes: Prof. Anderson Rodrigues dos Santos (FACOM-UFU), Dr. Ulisses de Pádua Pereira (Pós-Doc Lab de Nanobiotecnologia UFU) e Prof. Nilson Nicolau Junior (INGEB-UFU)

Local: Ilhas Digitais Bloco 8C, Campus Umuarama

Número de Vagas: 30

2- **Título:** Extração, quantificação e qualificação de ácidos nucleicos

Palestrante: Dra. Paula de Souza Santos (Laboratório de Nanobiotecnologia INGEB-UFU)

Local: Laboratório de Ensino de Biotecnologia, Campus Umuarama

Número de Vagas: 20



SINA
BIOTEC

I SIMPÓSIO NACIONAL DE APLICAÇÕES BIOTECNOLÓGICAS



3- Título: Plantas Medicinais: do conhecimento popular à pesquisa científica

Palestrante: Dra. Neire Moura (Laboratório de Bioquímica e Biologia Molecular INGEB-UFU)

Local: Módulo teórico (manhã) – Bloco 8C, Sala 313
Módulo prático (tarde) – Laboratório de ensino em Bromatologia

Número de Vagas: 20

Teóricos

4- Título: Tópicos Avançados em Citometria de Fluxo e Inovações no Desenvolvimento de Vacinas

Palestrante: Dra. Luara Isabela dos Santos (Centro de Pesquisas Rene Rachou FIOCRUZ-MG)

Local: Bloco 8C – Sala 315

Número de Vagas: 40

5- Título: *Phage display*: conceitos e aplicações biotecnológicas

Palestrante: MsC. Patrícia Terra Alves e MsC. Mayara Ingrid Sousa Lima (Laboratório de Nanobiotecnologia INGEB-UFU)

Local: Anfiteatro Bloco 6T – Campus Umuarama

Número de Vagas: 40



SINA
BIOTEC

I SIMPÓSIO NACIONAL DE APLICAÇÕES BIOTECNOLÓGICAS



6- Título: Metagenômica: da filogenia à identificação de proteínas de interesse biotecnológicos de organismos não cultiváveis

Palestrante: Dr. Siomar de Castro Soares (Instituto de Ciências Biológicas- UFMG)

Local: Bloco 8C – Sala 312

Número de Vagas: 40

7- Título: Biologia Molecular de plantas - do campo à bancada

Palestrante: Dr. Flávio Tetsuo Sasaki e Dra. Hebréia Oliveira Almeida Souza (Laboratório de Nanobiotecnologia INGEB-UFU)

Local: Sala da Pós Graduação Instituto de Genética e Bioquímica - Bloco 2E

Número de Vagas: 40

8- Título: Neurociência do comportamento

Palestrante: MsC. Luiz Carlos de Oliveira Junior e Rodrigo Scalia Fernandes (Faculdade de Medicina - UFU)

Local: Anfiteatro da Biblioteca do Campus Umuarama – Bloco 4G

Número de Vagas: 40

9- Título: Espectrometria de massas aplicada a análises químicas e ciências da vida: fundamentos, aplicações e avanços tecnológicos

Palestrante: Dr. Maurício Ribeiro Marques e José Xavier (Agilent Technologies-SP)

Local: Anfiteatro do Bloco 4K – Campus Umuarama

Número de Vagas: 40

10- Título: Biotécnicas de reprodução animal assistida e o uso de marcadores genéticos e epigenéticos para a qualidade de embrião.

Palestrante: Dr. Maurício Machaim Franco (CENARGEN-EMBRAPA)

Local: Bloco 8C- sala 309

Número de Vagas: 40

11- Título: Marcadores Moleculares (EMBRAPA-DF)

Palestrante: Dra. Eveline Teixeira Caixeta

Local: Bloco 8C – Sala 311

Número de Vagas: 40



**SINA
BIOTEC**

I SIMPÓSIO NACIONAL DE APLICAÇÕES BIOTECNOLÓGICAS



Universidade Federal de Uberlândia

I Simpósio Nacional de Aplicações Biotecnológicas

Universidade Federal de Uberlândia, Anfiteatro Bloco 8C,
Campus Umuarama, 22 e 23/07/2014

Dia 23/07/2014:

8:00h-9:00h: Palestra de Abertura- Engenharia Genética e agricultura: do laboratório para o campo

Dr. Francisco L. Aragão (EMBRAPA-DF)

9:00h-9:50h: Transgênese Animal: mitos e aplicações

Dr. Eduardo de Oliveira Melo (CENARGEN-EMBRAPA)

9:50h-10:10h: Intervalo (Café)

10:10h-11:00h: Tecnologias de terapia gênica, suas aplicações e novos desafios

Prof. Dr. Sang Won Han (UNIFESP)

11:00h-11:50h: Células-tronco mesenquimais de medula óssea e tecido adiposo: semelhanças e diferenças

Profa. Dra. Maria Isabel Doria Rossi (UFRJ)

11:50h-14:00h: Intervalo (Almoço)



**SINA
BIOTEC**

I SIMPÓSIO NACIONAL DE APLICAÇÕES BIOTECNOLÓGICAS



14:00h-14:50h: Biotecnologia molecular aplicada em Saúde Pública

Dr. Carlos Roberto Prudêncio (Instituto Adolfo Lutz- SP)

14:50h-15:40h: Neurotoxinas de origem animal e vegetal: potenciais agentes terapêuticos e inseticidas naturais

Prof. Dr. Cháriston André Dal Belo (UNIPAMPA-RS)

15:40h-16:00h: Intervalo (Café)

16:00h-16:50h: Metagenômica aplicada a obtenção de enzimas de interesse industrial

Profa. Dra. Rachel Passos Rezende (UESC-BA)

16:50h-17:40h: Biocombustível e Bioenergia

Profa. Dra. Vicelma Luiz Cardoso (UFU-MG)

17:40h -18:40h: Informações técnicas sobre o uso e manutenção de micropipetas

Dra. Adriana Fernandes Roberto - Especialista de Produtos Eppendorf (Hexis)

17:40h -18:40h: Rapidez e Simplicidade no Sequenciamento de Nova Geração

Juliana Gamba (QIAGEN)

18:40h Sessão de Painéis (coquetel) 20:40h Premiação dos Painéis



II Simpósio Nacional de Nanotecnologia e Nanomedicina

Universidade Federal de Uberlândia, Anfiteatro Bloco 8C,
Campus Umuarama, 24 a 25/07/2014

Dia 24/07/2014: II NANOMED

08:30h – 09:00h: Abertura: Luiz Ricardo Goulart, Noelio Oliveira Dantas e João Marcos Madurro

09:00h – 09:40h: Cultura 3D por levitação magnética e bioimpressão de células.

Glauco Souza, Nano3D Biosciences, Houston, TX, USA.

09:40h – 10:20h: Desenvolvimento de nanomateriais aplicados à Diagnóstico e Terapia e Estudos de Nanotoxicidade.

Valtencir Zucoloto, USP, São Carlos, SP.

10:20h – 10:50h: Intervalo (Café)

10:50h – 11:30h: Rarioterápicos nanoestruturados para o tratamento e diagnóstico do câncer, hidrogéis nanoestruturados como curativos e avançados e nanocápsulas de albumina na entrega de drogas.

Ademar Benévolo Lugão, IPEN, São Paulo, SP.

10:50h – 11:30h: Rarioterápicos nanoestruturados para o tratamento e diagnóstico do câncer, hidrogéis nanoestruturados como curativos e avançados e nanocápsulas de albumina na entrega de drogas.

Ademar Benévolo Lugão, IPEN, São Paulo, SP.

11:30h – 12:10h: Dispositivos microfluídicos aplicados à biossensores.

Marcos Vinícius Dias Vermelho, UFAL, Maceió, AL.

12:10h – 14:00h: Intervalo (Almoço)

14:00h – 14:40h: Nanocarreadores de fármacos inovadores para o tratamento das leishmanioses.

Frederic Jean Georges Frezard, UFMG, Belo Horizonte, MG.

14:40h – 15:20h: Quantum dots de tamanhos mágicos e aplicações biológicas.

Anielle Christine Almeida Silva, UFU, Uberlândia, MG.

15:20h – 15:50h: Intervalo (Café)

15:50h – 16:30h: Nanotecnologia aplicada a Saúde.

Antônio Cláudio Tedesco, USP, Ribeirão Preto, SP.

16:30h – 17:10h: Aplicações biomédicas da nanotecnologia verde.

Luciano Paulino da Silva, EMBRAPA, Brasília, DF

17:10h – 18:00h: Palestra Técnica sobre Citometria de Fluxo associada à Microscopia.

Millipore, Merck

Dia 25/07/2014:

09:00h – 09:40h: Nanopartículas poliméricas: estado da arte, tendências e aplicações farmacêuticas

Silvia Stanisçuaski Guterres, UFRGS, Porto Alegre, RS

09:40h – 10:20h: Interações entre Ovalbumina e Nanotubos de Carbono de Paredes Múltiplas.

Clascídia Aparecida Furtado, CDTN/CNEN, Belo Horizonte, MG.

10:20h – 10:50h: Intervalo (Café)

10:50h – 11:30h: Nanoestruturas de Carbono e Ouro e suas Aplicações Biomédicas.

Luiz Orlando Ladeira, UFMG, Belo Horizonte, MG.

11:20h – 12:10h: Sensores eletroquímicos para detecção de ácidos nucleicos e proteínas.

Ana Graci Brito-Madurro, UFU, Uberlândia, MG.

12:10h: Encerramento



SINA
BIOTEC

I SIMPÓSIO NACIONAL DE APLICAÇÕES BIOTECNOLÓGICAS



Universidade Federal de Uberlândia

ANAIS

Resumos Simples

ÁREA I: BIOINFORMÁTICA

IDENTIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO COMPUTACIONAL DE GENES DICER-LIKE EM *Phaseolus vulgaris* L.

Thais Cunha de Sousa Cardoso¹, Laysa Gomes Portilho¹, Márcia Souza de Oliveira³, Luiz Antonio Augusto Gomes³, Terezinha Aparecida Teixeira, Laurence Rodrigues do Amaral^{1,2}, Matheus de Souza Gomes¹

¹Laboratório de Bioinformática e Análises Moleculares, Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Campus Patos de Minas, MG, Brasil

²Faculdade de Computação, Universidade Federal de Uberlândia, Campus Patos de Minas, MG, Brasil

³Departamento de Agricultura, Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, Brasil

E-mail do 1º autor: thatacunha2@hotmail.com

Introdução: O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é um dos principais componentes da cesta básica dos brasileiros, sendo uma importante fonte de proteínas, ferro, cálcio, vitaminas, carboidratos e fibras. O estudo do genoma e transcriptoma de plantas tem se tornado uma ferramenta muito poderosa para auxiliar na elucidação de processos biológicos. Recentemente foi publicado o genoma de *P. vulgaris* L., representando um grande avanço no estudo da biologia desta importante espécie. Os pequenos RNAs são uma classe de moléculas não codificantes de proteínas com aproximadamente 19 a 25 nucleotídeos. Os principais representantes desta classe de pequenos RNAs endógenos são os microRNAs (miRNAs). Estas moléculas têm como função principal orquestrar a expressão de RNAs mensageiros nas células, inibindo seu processo de tradução. Em plantas, os miRNAs desempenham diversas papéis incluindo regulação do desenvolvimento, defesa, controle da proliferação celular e respostas ao estresse. Existem múltiplas proteínas que coordenam a geração de miRNAs na qual se destacam como centrais no mecanismo as proteínas Dicer (DCL), Argonauta (AGO) e RNA polimerase dependente de RNA (RDR). Várias cópias destas proteínas têm sido encontradas no genoma de plantas e animais. Foram identificadas 8 Dicer-like (OsDCLs), 19 Argonautas (OsAGOs) e 5 RDRs (OsRDRs) no genoma do arroz. Desta forma, este estudo objetivou identificar e caracterizar por bioinformática os genes da família DCL, centrais na via de processamento de miRNAs, em *P. vulgaris*, utilizando sequências genômicas e transcriptômicas depositadas em bancos de dados públicos. **Metodologia:** Para identificação dos genes e suas prováveis proteínas, foram utilizadas ferramentas de alinhamento local BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) e os bancos de dados de proteínas (refseq-protein), de Etiquetas de sequencias transcritas (ESTs) e nucleotídeos (nt_nr), disponibilizados no NCBI e Phytozome (National Center for Biotechnology Information)(Phytozome v9.1). As sequências de proteínas utilizadas como sequências de busca (“queries”) foram obtidas no banco de dados de proteínas dos organismos *Arabidopsis thaliana* e *Glycine max*. Para análise de conservação de domínios e avaliação da estrutura primária, foram utilizados os programas ClustalW, ClustalX2.0 e Weblogo, além dos bancos de famílias de proteínas PFAM e Conserved Domain Database (CDD). **Resultados e Discussão:** Foi possível identificar 4

prováveis proteínas DCL nos bancos de dados de *P. vulgaris* (PvDCL1, PvDCL2, PvDCL3 e PvDCL4). As 4 prováveis proteínas DCL apresentaram altamente conservadas ao nível de aminoácidos, mostrando conservação dos domínios Ribonuclease_3 (pfam00636), Helicase_C (pfam00271), DEAD (pfam00270), dsrm (pfam00035) e PAZ (pfam02170), contendo resíduos importantes em posições críticas na proteína (prováveis sítios ativos). A análise de domínios da proteína DCL4 apresentou grande conservação nos domínios Ribonuclease_3 (pfam00636), endoND1 e endoND2, na posição C-terminal da proteína. Além disso, os dois domínios endoND1 e endoND2 apresentaram os resíduos do sítio catalítico conservados (E/D/D/E) ácido glutâmico/ácido aspártico/ácido aspártico/ ácido glutâmico responsáveis pela provável atividade ribonucleásica da proteína DCL4. **Conclusões:** Dado o importante papel dos pequenos RNAs em plantas, o estudo das proteínas da via de seu processamento poderá facilitar a compreensão de processos essenciais na biologia do feijão. Os nossos resultados expandem o estudo de pequenos RNAs e os genes envolvidos na sua maquinaria em feijão, proporcionando novos desafios para busca de tecnologias para o controle do silenciamento de genes importantes no organismo.

Palavras-chave: microRNAs, *Phaseolus vulgaris*, Dicer.

IDENTIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE GENES DA FAMÍLIA ARGONAUTA NA VIA DE PROCESSAMENTO DE MIRNAS EM *Lactuca sativa* L.

Tamires Caixeta Alves¹, Lourayne Chazan Oliveira Mendes¹, Roberta Moura Ramos¹, Deborah Abreu Queiroz³, Luiz Antonio Augusto Gomes³, Laurence Rodrigues do Amaral^{1,2}, Matheus de Souza Gomes¹

¹Laboratório de Bioinformática e Análises Moleculares, Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Campus Patos de Minas, MG, Brasil

²Faculdade de Computação, Universidade Federal de Uberlândia, Campus Patos de Minas, MG, Brasil

³Departamento de Agricultura, Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, Brasil

E-mail do 1º autor: tamires_alves@biotec.ufu.br

Introdução: Alface, *Lactuca sativa* L., tem sido considerada uma das culturas mais importantes no Brasil e no mundo. A crescente relevância do estudo de plantas para o entendimento de diversos mecanismos biológicos tem sido fundamental para o conhecimento dos processos biológicos. Neste contexto, o estudo do genoma e transcriptoma de plantas torna-se uma ferramenta muito poderosa para auxiliar na elucidação de processos biológicos. Os pequenos RNAs (ncRNAs) são uma classe de moléculas não codificantes de proteínas com aproximadamente 19 a 25 nucleotídeos. Os principais representantes desta classe de pequenos RNAs são os microRNAs (miRNAs). No entanto, outros ncRNAs tem mostrado grande importância no controle celular em plantas como *small interfering* RNAs (siRNAs), *Trans-acting* siRNA (tasiRNAs) e *Natural antisense short interfering RNA* (natsiRNA). Estas moléculas têm como função principal orquestrar a expressão de RNAs mensageiros nas células inibindo seu processo de tradução. Em plantas, os pequenos RNAs são produzidos por vias biossintéticas distintas, possuindo diversas funções. Existem múltiplas proteínas que coordenam a geração dos miRNAs em plantas no qual se destacam as proteínas Dicer (DCL), Argonaute (AGO), e RNA polimerase dependente de RNA (RDR). Várias cópias de DCL, AGO e RDR têm sido encontradas no genoma de plantas e animais. Em *Arabidopsis*, 4 DCL-like, 10 AGOs e 6 RDRs foram identificadas. Estratégias computacionais e experimentais têm sido utilizadas para identificação de miRNAs e as proteínas de seu processamento em vários organismos. Os métodos computacionais têm sido bastante utilizados na identificação de genes uma vez que alguns transcritos são expressos apenas em determinadas condições, em células específicas, ou são pouco expressos sendo impossível sua identificação *in vitro*. Desta forma, este estudo objetivou-se identificar e caracterizar por bioinformática os genes da família Argonauta, centrais na via de processamento de miRNAs, em *L. sativa*, utilizando sequências genômicas e transcriptômicas depositadas em bancos de dados públicos. **Metodologia:** Para isso foram utilizadas ferramentas de alinhamento local BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*) e os bancos de dados de proteínas (refseq-protein), de Etiquetas de sequências transcritas (ESTs) e nucleotídeos (nt_nr) disponibilizados no NCBI (National Center for Biotechnology Information). As sequências de proteínas utilizadas como sequências de busca (“*queries*”) foram obtidas no banco de dados de proteínas do organismo modelo *Arabidopsis thaliana*. Foi possível identificar 6 prováveis proteínas AGO nos bancos de dados de *L. sativa* (LsAGO1, LsAGO2, LsAGO3, LsAGO4, LsAGO6 e LsAGO9). As prováveis ortólogos de

AGO encontradas em *L. sativa* foram nomeadas pelas primeiras letras do nome da espécie, Ls (*L. sativa*), seguido pelo nome ou função da proteína ortóloga encontrada nos organismos homólogos. Para análise de conservação de domínios e avaliação da estrutura primária foram utilizados os programas ClustalW, ClustalX2.0 e Weblogo, além dos bancos de famílias de proteínas PFAM e *Conserved Domain Database* (CDD). **Resultados e Discussão:** As 6 prováveis proteínas AGO apresentaram altamente conservadas ao nível de aminoácidos mostrando conservação dos domínios DUF1785, PIWI e PAZ em posições críticas na proteína. A análise de domínio conservado da proteína AGO1 apresentou a presença do *motif* DDH representado pela tríade catalítica ácido aspártico/ácido aspártico/histidina responsável pela atividade RNaseH-like da proteína. **Conclusões:** Dado o importante papel dos pequenos RNAs em plantas, o estudo das proteínas centrais da via de seu processamento poderá facilitar a compreensão de processos essenciais na biologia da alface.

Palavras-chave: microRNAs, *Lactuca sativa* L., Argonautas.

ÁREA II: BIOTECNOLOGIA AMBIENTAL

ESTUDO ECOTOXICOLÓGICO, MUTAGÊNICO E DE GENOTOXICIDADE DE UM LARVICIDA BIOTECNOLÓGICO APLICADO AO CONTROLE DE *Aedes aegypti*

Priscila Costa Freitas¹, Boscolli Barbosa Pereira², Jean Ezequiel Limongi², Tamiris Sabrina Rodrigues¹, Edimar Olegário de Campos Júnior¹, Sandra Morelli¹.

¹Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Instituto de Geografia, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

E-mail do 1º autor: priscilafreitas8@gmail.com

Introdução: As ações de controle do principal vetor da dengue, o mosquito *Aedes aegypti* estão baseadas na utilização de larvicidas e/ou inseticidas, integrada ao emprego de peixes que podem controlar naturalmente as larvas do inseto. A biotecnologia tem contribuído na obtenção de novos compostos derivados de inimigos naturais do inseto vetor, geralmente bactérias e fungos. Embora tenham o objetivo de controlar com maior eficácia as populações de *A. aegypti* esses produtos biotecnológicos podem provocar grandes impactos ecológicos, de modo que é de extrema necessidade a avaliação de seus efeitos no ambiente e em organismos modelos de Biomonitoramento. O Natular DT, derivado da bactéria *Saccharopolyspora spinosa*, é uma formulação granular de 2,5% de espinosade e é um larvicida utilizado para o controle do *A. aegypti*. A avaliação da toxicidade do larvicida em peixes larvófagos é essencial para compreender os impactos do pesticida. Assim, o objetivo deste estudo foi investigar a eco-genotoxicidade do espinosade em peixes da espécie *Poecilia reticulata*. **Metodologia:** Este estudo foi realizado em peixes adultos climatizados durante 15 dias em condições de laboratório. Testes de toxicidade aguda e crônica foram baseados na padronização OCDE 203/1992 e ABNT NBR 15499/2007. Os ensaios foram realizados em sistema semi-estático, usando 10 peixes em cada repetição. Cinco concentrações nominais de tratamento de espinosade (6,25, 12,5, 25,0, 50,0 e 100 mg/L) e controle negativo foram usadas para cada ensaio. Para os testes de toxicidade aguda e crônica, os tempos de exposição foram de 96 e 168 horas, respectivamente. Para testes de micronúcleos (MN) e anomalias nucleares (AN), o tempo de exposição foi de 24 horas. Após este período, as células de eritrócitos foram obtidas pela centrifugação das guelras em soro fetal bovino (1000 rpm durante 5 min). Para cada lâmina, 1.000 células de eritrócitos foram observadas e a frequência MN e NA foram registradas em fotomicroscópio com magnificação de 1000x. Além disso, todos os peixes foram examinados quanto à possíveis comportamentos anormais durante o estudo. **Resultados e discussão:** A $CL_{50; 96h}$ e $CL_{15; 168h}$ foram calculadas utilizando modelos normal-log, tendo os valores de 42,9 e 12,8, respectivamente. Nenhuma mortalidade foi observada nos grupos de controle. A porcentagem de mortalidade foi maior na concentração mais elevada (ANOVA; Tukey, $P < 0,05$). Os lebetes expostos a concentrações de 25, 50, e 100 mg/L em testes agudos e crônicos exibiram comportamentos anormais, como natação errática, perda de equilíbrio, além de se tornarem lentos e imóveis. Embora o Natular tenha um efeito de liberação lenta de espinosade, após 72 horas de exposição foi possível verificar seus efeitos sobre o comportamento e a sobrevivência dos peixes

expostos. Apesar dos resultados revelarem um aumento gradual no número de células danificadas, o que indica uma tendência de efeito dependente da concentração, alterações nucleares e micronúcleos em eritrócitos de *P. reticulata* expostos a espinosade não apresentaram diferença significativa em relação ao controle (ANOVA, $p = 0,11$). **Conclusões:** Portanto, por meio dos testes de toxicidade, o larvicida Natular mostrou um efeito significativo sobre o comportamento e a sobrevivência do *P. reticulata*, quando são expostos as concentrações 25, 50 e 100 mg/L e uma tendência nominal de efeitos genotóxicos e mutagênicos em eritrócitos, após a exposição do larvicida por 24 horas. Os resultados do teste de toxicidade e os efeitos analisados demonstram que o Natular apresenta riscos ecológicos e o uso racional desse larvicida deve ser estimulado, para que, assim, esse produto biotecnológico não provoque danos ao ambiente.

Palavras-chave: Toxicidade, Biomonitoramento, Micronúcleos.

Agradecimentos: CAPES, FAPEMIG, UFU.

IDENTIFICAÇÃO DE INIBIDORES DE AMILASES EM EXTRATOS DE PLANTAS MEDICINAIS E FRUTOS DO BIOMA CERRADO.

Danielle Diniz Vilela¹, Ivania Gonçalves Dias¹, Francielle Borges Rosa Moura¹, Danúbia da Silva Carvalho¹, Foued Salmen Espindola¹.

¹Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia.

E-mail do 1º autor: daninhadvilela@hotmail.com

Introdução: A descoberta de inibidores de amilase a partir dos recursos da biodiversidade tem potencial biotecnológico. O desenvolvimento de protótipos a partir destes compostos bioativos podem se tornar fitocêuticos e nutracêuticos por bloquear a digestão de carboidratos, reduzindo a hiperglicemia pós-prandial com implicações para o sobrepeso e o diabetes mellitus. Também podem ser usados para bloquear ação das amilases usadas na indústria alimentícia, por interromper as reações enzimáticas nas várias etapas da degradação do amido. O objetivo deste estudo foi explorar a biodiversidade por meio de um método de triagem rápida e de baixo custo para potenciais inibidores da alfa-amilase humana e amilases microbianas. Para isto produziu-se uma fração purificada da saliva humana altamente similar a alfa-amilase pancreática. Outras amilases foram cedidas por uma Indústria, consistindo em amilase de origem microbiana obtidas como proteínas recombinantes resistentes às condições adversas de temperatura e pH para fins industriais. Investigou-se extratos de diferentes polaridades e partes de plantas medicinais e de frutos do bioma Cerrado. Utilizou-se Western blotting para procurar possíveis semelhanças entre a alfa-amilase salivar e as outras enzimas que foram inibidas pelos mesmos extratos. **Metodologia:** Amostra de saliva humana submetida a cromatografia de troca iônica rendeu uma fração enriquecida de alfa-amilase salivar (HSAf), outras 10 enzimas que participam da degradação do amido foram cedidas por uma indústria. Foi testado a inibição de todas as enzimas por extratos em diferentes solventes (água, etanol e hexano) de 12 plantas medicinais e sete frutos totalizando 31 extratos. O método utilizado foi, inicialmente, uma triagem rápida de inibição em que placas de vidro cobertas com um complexo de amido de milho foram incubadas com as enzimas e extratos de plantas e frutos, posteriormente coradas com iodo (cor azul escuro). O diâmetro dos poços incolores mostrou o grau de inibição da amilase. As enzimas que foram inibidas pelos mesmos extratos que inibiram a HSAf foram selecionadas e submetidas a eletroforese (SDS-PAGE), a massa molecular relativa (Mr) dos polipeptídeos foram estimados por regressão linear. Western blot destas amostras foi sondado com anticorpo desenvolvido no laboratório para alfa-amilase salivar para detectar reações cruzadas com as amilases da indústria. **Resultados e Discussão:** A HSAf foi inibida por 21 extratos, dos quais 6 eram aquosos, 5 etanólicos e 10 hexânicos. Das 10 enzimas industriais testadas, 5 foram inibidas por pelo menos um extrato que também inibiu a amilase. O extrato aquoso de casca de Araticum foi capaz de inibir as enzimas: HSAf, Thermamyl 5, Starmax 1000 e Termamyl 3. As enzimas Dextrozime e Optmax 4060 foram inibidas pelos extratos etanólicos de Cagaita, Mamacadela e Erva de São Caetano. O perfil proteico das cinco enzimas, observado por SDS-PAGE, apresentou uma banda com Mr próximo ao da banda da HSAf (56,8 kDa). Entretanto somente a Thermamyl 5 foi reconhecida pelo anticorpo anti-amilase, sugerindo a possível existência de alguma região antigênica de similaridade entre essas enzimas. **Conclusões:** O presente estudo revelou que é possível realizar uma triagem inicial com um

método de rápida detecção e baixo custo para explorar os imensos recursos da nossa biodiversidade em busca extratos de plantas e frutos, que sejam capazes de inibir a enzima alfa-amilase e enzimas industriais. Isto reforça a importância de novos estudos que visem explorar a biodiversidade como alternativas promissoras na área da saúde, diminuindo os efeitos colaterais de drogas sintéticas e na área industrial substituindo o uso de ácidos e bases para controle das reações. Outros métodos que mensuram a atividade de enzimas utilizando amido (DNS) e GalG2CNP como substratos, deverão ser feitos futuramente para uma análise quantitativa de inibição.

Palavras-chave: Biodiversidade, inibidores, amilases.

INFLUÊNCIA DE EXTRATOS FOLIARES DE BACUPARI SOBRE A GERMINAÇÃO E O CRESCIMENTO INICIAL DE ALFACE (*Lactuca sativa* L.)

Caroline Severino Malvestiti¹, Ênnio Miranda Barroso¹, Sandro Barbosa¹, Ana Carolina de Azevedo Dias¹, Plínio Rodrigues dos Santos Filho¹

¹Laboratório de Biotecnologia Ambiental & Genotoxicidade, Universidade Federal de Alfenas, Alfenas, MG.

E-mail do 1º autor: malvestiti.caroline@gmail.com

Introdução: A espécie *Garcinia brasiliensis*, conhecida como Bacupari é uma árvore de porte médio nativa da amazônia. Porém hoje pode ser encontrada em todo Brasil. É usada na medicina popular para tratamento de tumores, inflamações e como analgésico. Nos últimos anos o Bacupari tem sido alvo de diferentes estudos visando a caracterização de seus metabólitos, especialmente as benzofenonas polipreniladas. Contudo, não há trabalhos relacionando o potencial alelopático e a atividade citogenotóxica dessa planta. Assim, o objetivo desse trabalho foi avaliar a fitotoxicidade e a citogenotoxicidade de extratos foliares de Bacupari em bioensaios com Alface. **Metodologia:** Cipselas de Alface (*Lactuca sativa* L.) cv. Grand Rapids foram incubadas a 25°C e fotoperíodo de 12 horas com diferentes concentrações (0, 1,25, 2,5, 5, 10 e 20 mg/mL) dos extratos aquoso (EAB) e etanólico (EEB) de folhas de Bacupari. A germinação foi avaliada pela contagem de cipselas com protusão de radícula a cada 24 horas durante 96 horas. O alongamento da raiz e as biomassas fresca e seca foram determinados após 7 dias de cultivo. A citotoxicidade foi avaliada em preparações citológicas de tecido meristemático de pontas de raiz expostas por 24 horas aos extratos. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância (ANAVA) e modelos de regressão foram ajustados. **Resultados e discussão:** Tanto EAB quanto EEB causaram atraso na germinação das cipselas nas concentrações de 10 e 20 mg/mL. EAB e EEB também afetaram o crescimento e desenvolvimento inicial das plântulas. Quando comparado ao controle, houve diminuição no alongamento da raiz e no acúmulo de biomassas fresca e seca de maneira dependente da concentração. A análise das preparações citológicas de tecido meristemático mostrou diminuição no número de células em divisão, com correspondente aumento do número de células em interfase, principalmente nas concentrações de 10 e 20 mg/mL. **Conclusão:** Conclui-se assim, que os extratos foliares de Bacupari apresentaram efeito alelopático sobre *Lactuca sativa* L. afetando a germinação e diminuindo o crescimento inicial, sendo o mecanismo de ação, em parte, atribuído à ação citotóxica dos extratos por inibirem a divisão celular.

Palavras-chave: Fitotoxicidade, alelopatia, Bacupari

Agradecimentos: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e Programa Jovens Talentos para a Ciência.

MICRONÚCLEOS EM AVES SEMIDEPENDENTES DE AMBIENTES FLORESTAIS DO CERRADO

Paulo Vitor Alves Ribeiro^{1,3}, Arthur de Andrade Silva¹, Camilla Queiroz Baesse¹, Adriano Marcos da Silva¹, Giancarlo Ângelo Ferreira¹, Vitor Carneiro de Magalhães Tolentino¹, Júlio César Nepomuceno^{1,2} e Celine de Melo^{1,3}

¹Universidade Federal de Uberlândia, Instituto de Biologia

²Universidade Federal de Uberlândia, Instituto de Genética e Bioquímica

E-mail do 1º autor: paulo-vitor94@hotmail.com

Introdução: As aves são importantes bioindicadores e biomonitores da qualidade ambiental por pertencerem a elos finais da cadeia alimentar e por fazerem grandes deslocamentos, o que, juntamente com sua sensibilidade as tornam susceptíveis à contaminação, tornando-as eficazes como indicadores de qualidade do meio ambiente. Uma técnica capaz de avaliar a sensibilidade de organismos a agentes contaminantes é o Teste de Micronúcleos que tem sido considerado uma ferramenta prática para o biomonitoramento de efeitos clastogênicos e aneugênicos causados por poluentes. Os objetivos deste trabalho foram avaliar a presença de micronúcleos em espécies de aves que utilizam ambientes florestais e seu entorno e verificar se a frequência e quantidade de micronúcleos variam entre espécies, fragmentos e populações. **Metodologia:** O estudo foi realizado em quatro fragmentos florestais na região do Triângulo Mineiro (Água Fria, São José, Glória e Galheiro). Os indivíduos foram capturados com redes de neblina sendo realizada a coleta de sangue para confecção dos esfregaços sanguíneos. O sangue foi coletado através da perfuração da veia tarsal-metatarsal com o uso de seringas de insulina e gotejado diretamente sobre duas lâminas para a confecção da extensão sanguínea. Após secas, as lâminas foram fixadas em Metanol e coradas em uma solução a 5% de GEMSA e tampão fosfato com pH 5,8, enxaguadas em água destilada e secas em temperatura ambiente. Em cada lâmina foram contados 2500 eritrócitos, totalizando 5000 eritrócitos por indivíduo. Foram capturados 63 indivíduos pertencentes a 21 espécies de aves. **Resultados e Discussão:** Do total de espécies capturadas, 14 (66,7%) apresentaram pelo menos um micronúcleo. Considerando-se as espécies com cinco ou mais indivíduos capturados, *Arremon flavirostris* e *Saltator similis* apresentaram taxa de 80% dos indivíduos com micronúcleos, *Saltator maximus* apresentou taxa de 66,7%, *Myiothlypis flaveola* de 43,75% e *Turdus leucomelas*, 40%. As espécies ($n \geq 5$) apresentaram homogeneidade em relação à presença de micronúcleos, não tendo diferença entre a quantidade e a frequência de micronúcleo ($\chi^2=4,04$, gl=4, $p>0,05$). Não houve diferença no número de indivíduos com e sem micronúcleos ($\chi^2=0,676$, gl=1, $p>0,05$). Entre os fragmentos, houve diferença quanto à quantidade de micronúcleos ($H=8,146$; gl=3; $p=0,043$), sendo as médias maiores em fragmentos mais próximas ao perímetro urbano. Foi possível comparar a quantidade de micronúcleos entre fragmentos somente para *Myiothlypis flaveola*, sendo que em São José a quantidade de micronúcleos foi significativamente maior que em Galheiro ($U_{0,05;5;9} = 7,50$; $p=0,045$). Não houve diferença significativa na quantidade de micronúcleo por espécie, independente do fragmento onde estas foram capturadas ($H= 0,958$; gl = 3; $p = 0,812$). Em relação à média, *Saltator similis* apresentou média significativamente maior que as demais espécies ($3,20 \pm 2,17$). A maioria das espécies de aves avaliadas neste estudo podem potencialmente serem utilizadas em

estudos de biomonitoramento, como por exemplo, *M. flaveola*, cuja quantidade de micronúcleo refletiu a qualidade do fragmento. **Conclusões:** A análise de micronúcleo foi eficaz para avaliar a qualidade do fragmento bem como a intensidade com que as aves respondem aos impactos causados pela perturbação antrópica.

Palavras-chave: ações antrópicas, biomonitoramento, eritrócitos.

Agradecimentos: FAPEMIG (CRA-APQ 01654-12); CNPq (PELD - processo: 403733/2012-0); CEMIG.

OTIMIZAÇÃO DA REAÇÃO EM CADEIA DA POLIMERASE PELA CONCENTRAÇÃO DE cDNA

Gustavo Santos de Oliveira¹; Ana Maria Bonetti¹; Carlos Ueira Vieira².

¹Laboratório de Genética, Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

E-mail do 1º autor: gs.oliveira1992@uol.com.br

Introdução: A Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) consiste na amplificação de um fragmento de DNA por meio de primers e ciclos de desnaturação da dupla fita, anelamento dos primers e extensão por uma DNA polimerase. Esta técnica é essencial no desenvolvimento da tecnologia do DNA recombinante. Ela tem sido utilizada para clonagem de sequências de DNA, identificação de patógenos, testes de paternidade entre outras aplicações. Quando a PCR é aplicada a um substrato heterólogo, a amplificação de um produto de interesse requer otimização de parâmetros. De acordo com a literatura, os principais parâmetros avaliados são concentração de íons magnésio e temperatura de anelamento. No presente trabalho avaliamos os efeitos de diferentes concentrações de cDNA para a otimização da PCR. **Metodologia:** A fim de avaliar os efeitos de diferentes concentrações de cDNA na PCR, o RNA total foi extraído da cabeça de uma forrageira da abelha *Apis mellifera* utilizando-se TRIZOL (INVITROGEN) segundo recomendações do fabricante. O cDNA foi obtido por RT-PCR utilizando-se a enzima M-MLV (PROMEGA) conforme indicação do fabricante. Os reagentes foram ajustados para concentração final de 1X Tampão GoTaq (PROMEGA), 0,5 µM Primer *Forward*, 0,5 µM Primer *Reverse*, 0,3 mM dNTPs mix e 0,0625 U.µL⁻¹ GoTaq (PROMEGA), água para volume final de 20 µL e cDNA. Foi investigado o efeito das seguintes concentrações de cDNA: 2, 4, 6, 8, 10, 20, 30, 40, 50, 75, 100, 137, 150, 175, 200, 250 ng.µL⁻¹. O objetivo da reação foi a amplificação da *CDS* do gene OR2 de 1434 pb. **Resultados e Discussão:** Verificou-se que conforme a concentração de cDNA diminui, aumenta a especificidade de amplificação do produto de interesse. Sob maiores concentrações de cDNA observa-se o favorecimento de amplificação de banda inespecífica. Esse resultado pode ser explicado pela relação de estringência, devido aos efeitos de cátions da solução. Além disso, pode ser levantada a hipótese de que a banda inespecífica seja de um transcrito mais expresso do que o transcrito de interesse e a provável analogia da extremidade 3'OH dos *primers* propiciou a amplificação dessa banda inespecífica. A maior quantidade de cDNA propicia maior formação de complexos cujos grupamentos fosfatos encontram-se estabilizados por cátions, reduzindo a estringência dos *primers* e propiciando a amplificação do produto inespecífico. Em presença de menor quantidade de cDNA, aumenta a estringência devido à menor estabilização do polímero por cátions, elevando a repulsão eletrostática pelos grupamentos fosfato. O aumento da estringência favorece o pareamento específico. As pontes de hidrogênio das bases nitrogenadas compensam as forças repulsivas dos grupos fosfato. A fim de confirmar a hipótese de que menores quantidades de cDNA levam à amplificação de uma banda única, reduzimos a concentração de cDNA até que a banda de interesse fosse o único fragmento observado. Sob a concentração de 2 ng.µL⁻¹ conseguimos tal efeito, ainda que a banda apresentasse menor intensidade, devido à menor quantidade de transcrito inicialmente presente na reação. Estudos que buscam otimização da PCR são importantes para a precisão das análises, para maiores rendimentos em aplicações envolvendo

PCR *end-point* e, principalmente, para aumentar a eficácia do processo. Comumente, utiliza-se a alteração da temperatura de anelamento dos primers para otimização da reação. Contudo tal abordagem não leva em conta parâmetros cinéticos relacionados, principalmente, à maior velocidade de catálise da enzima e aumento do número de colisões efetivas entre os componentes da PCR, que se correlacionam inversamente à variação da estringência. Análises envolvendo cDNA, propiciam melhor entendimento do funcionamento da PCR e sugerem abordagens para mais rápida otimização das reações. **Conclusão:** A concentração de cDNA é um parâmetro importante para a otimização da PCR e indica ser mais eficiente do que a manipulação da temperatura de anelamento dos primers.

Palavras-chave: PCR, Otimização, cDNA

Agradecimentos: FAPEMIG, CAPES, CNPq, UFU

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE ALGODOEIRO COM ALTO RENDIMENTO

Letícia de Souza Marcório¹, Lucas Lauer Monti², Morgana Coelho Mamede¹, Morony Martins Oliveira¹, Larissa Barbosa de Sousa¹, Julio César Viglioni Penna¹, Kian Eghrari Moraes¹, Lucas Martus¹

¹Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG

E-mail do 1º autor: lsmarcorio@gmail.com

Introdução: A produção de algodão vem ganhando cada vez mais espaço e importância no Brasil. Das quatro espécies mais cultivadas no mundo, a espécie mais produzida no país é a *Gossypium hirsutum*. A variabilidade genética constitui-se na essência dos processos evolutivos e do melhoramento vegetal, uma vez que, é imprescindível a presença desta para que a seleção natural ou artificial seja efetiva. O trabalho teve como objetivo avaliar a variabilidade fenotípica de 22 genótipos de algodoeiro de fibra branca quanto ao rendimento de pluma e produtividade e selecionar o genótipo com maior desempenho. **Metodologia:** O experimento foi conduzido em uma área experimental localizada na Fazenda Capim pertencente à Universidade Federal de Uberlândia, no município de Uberlândia, Minas Gerais, na safra 2012/2013. Foram avaliados 22 genótipos de algodoeiro provenientes de cruzamentos biparentais. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos completos casualizados (DBC) com três repetições. A parcela experimental constituiu-se de quatro linhas de cinco metros espaçadas de um metro. Avaliou-se os caracteres, rendimento de pluma (%) e produtividade de algodão em caroço (kg ha⁻¹), obtidos com base na colheita e pesagem dos capulhos e pluma da área útil da parcela. As análises estatísticas foram realizadas com o Programa Genes (Aplicativo computacional em genética e estatística). **Resultados e Discussão:** Os genótipos avaliados quanto ao rendimento de pluma foram separados em dois grupos estatisticamente diferentes, sendo a média do grupo A de 39% e do grupo B de 26. Dentro do grupo com as maiores médias para rendimento de fibra, o genótipo 1 alcançou 40% em média, seguido pelos genótipos 2, 7, 14 e 21, com 39%. Para produtividade de algodão em caroço, houve maior variabilidade, sendo formado três grupos. O genótipo 5 apresentou média de 4.817,5 kg ha⁻¹, 32,2% superior à média nacional obtida na safra 2012/2013 (CONAB, 2014) assim como os demais genótipos do grupo A (5, 11, 21 e 16). Os outros grupos formados não obtiveram um rendimento tão satisfatório quanto ao anterior com médias inferiores à nacional. **Conclusão:** Os genótipos apresentam variabilidade fenotípica para rendimento de pluma e produtividade de algodão em caroço. O genótipo 5 apresentou alto rendimento e produtividade, sendo indicado para testes posteriores do processo de melhoramento.

Palavras-chave: Produtividade, variabilidade, *Gossypium hirsutum*

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais- FAPEMIG.

ÁREA III: BIOTECNOLOGIA ANIMAL

ASSIMETRIA FLUTUANTE E DIRECIONAL EM *Myiothlypis flaveola* (AVES: PARULIDAE) EM FRAGMENTOS FLORESTAIS DO CERRADO

Ana Beatriz Leça de Lima¹, Camilla Queiroz Baesse¹, Adriano Marcos da Silva¹, Giancarlo Ângelo Ferreira¹, Vitor Carneiro de Magalhães Tolentino¹, Luís Pedro Mendes Paniago¹, Arthur de Andrade Silva¹ e Celine de Melo¹

¹Universidade Federal de Uberlândia, Instituto de Biologia, Uberlândia/MG

E-mail do 1º autor: bia_leca@hotmail.com

Introdução: Existem diversos métodos para o monitoramento e avaliação de impactos em habitats fragmentados. Uma dessas ferramentas é a assimetria flutuante (AF), que reflete pequenas alterações entre os planos de simetria bilateral dos organismos. É considerada uma ferramenta prática, devido à facilidade de adquirir os dados para avaliação quantitativa de estresse. Essas alterações entre os planos de simetria podem ser causadas tanto por fatores genéticos quanto por fatores ambientais. É a única forma de assimetria não adaptativa devida a interação entre a estabilidade do desenvolvimento ou controle genético e a instabilidade do desenvolvimento relacionado aos distúrbios genético ou ambiental. É importante diferenciar a assimetria flutuante da assimetria direcional. A segunda consiste na diferença entre ambos os lados de um caractere e a maioria dos indivíduos assimétricos possui essa diferença na mesma direção que é transmitida aos descendentes e quase sempre a direção dessa assimetria é herdada. A assimetria direcional é controlada durante o desenvolvimento e considerada adaptativa. Os objetivos deste trabalho foram analisar três populações de *Myiothlypis flaveola*, em três ambientes florestais distintos quanto ao tamanho e qualidade; e verificar em quais populações ocorre assimetria flutuante e em quais ocorre assimetria direcional. **Metodologia:** As aves foram capturadas em redes de neblina no período entre janeiro de 2013 a maio de 2014 nos fragmentos florestais Fazenda Água Fria, Fazenda São José e Estação Ambiental Galheiro. A AF foi avaliada separadamente para a asa e o tarso de cada indivíduo: $AF = \sum |(D - E) \cdot N^{-1}|$, sendo D a média aritmética das medidas do lado direito, E a média aritmética das medidas do lado esquerdo e N o número de indivíduos da amostra. Para verificar as dimensões do erro nas medidas dos lados, foi feita uma ANOVA para dois fatores. Para diferenciar AF de assimetria direcional e antissimetria, foram realizados respectivamente o teste t e o teste Kolmogorov-Smirnov. Para verificar se |AF| se correlaciona com a medida original foi feito uma Correlação de Pearson entre valor |AF| e a média da medida do lado direito. **Resultados e Discussão:** Foram capturados 28 indivíduos (Água Fria N=5, São José N=11 e Galheiro N=12). Apenas os indivíduos capturados no fragmento Água Fria apresentaram AF para asa e tarso, sendo que a média dos valores de AF foi maior para o tarso ($0,051 \pm 0,048$). Este fragmento é considerado com baixo nível de perturbação e a presença de AF nessa espécie, com maior nível no tarso, pode ser devido ao comportamento de forragear em estratos inferiores a 3m e é frequentemente vista no solo a procura de insetos. Assim, os valores da AF podem ser influenciados por questões estruturais do ambiente e por questões de hábito da própria espécie, como as táticas de forrageamento e as formas como cada espécie explora o habitat. Nos demais fragmentos analisados, os indivíduos apresentaram assimetria direcional provavelmente

devido à perda de variabilidade genética. **Conclusões:** Em estudos de biomonitoramento ambiental, podem ser utilizadas somente populações de aves que apresentem variabilidade genética, pois as populações com baixa variabilidade, como no caso daquelas que apresentam assimetria direcional, não retratam as condições do ambiente e sim, uma expressão genotípica independente deste.

Palavras-chave: *Myiothlypis flaveola*, variabilidade genética, biomonitoramento ambiental.

Agradecimentos: CEMIG; FAPEMIG; PIBIC-UFU-FAPEMIG; CNPq

EFEITO DO ÓXIDO NÍTRICO SOBRE A ATIVIDADE E EXPRESSÃO DA NTPDASE1 E DA ECTO-5'-NUCLEOTIDASE EM CÉLULAS ENDOTELIAIS DE AORTA DE RATOS

Dôuglas Caixeta Nunes¹; Bruna Juber de Araújo¹; Enyara Rezende Morais¹; Maria Luiza Morais Barreto-Chaves²; Cristina Ribas Fürstenau¹.

¹Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Patos de Minas, MG.

²Departamento de Anatomia, ICB, USP, São Paulo, SP.

E-mail do 1º autor: douglas_cnunes@hotmail.com

Introdução: A hipertensão arterial é responsável por 9,4 milhões de mortes mundialmente, porém suas causas permanecem pouco elucidadas. A sinalização purinérgica possui grande relevância como reguladora da fisiopatologia cardiovascular. O ATP, o ADP e a adenosina estimulam a vasoconstrição, o vasorelaxamento, a agregação plaquetária, entre outros processos. A ativação dos receptores purinérgicos do tipo P2 em células endoteliais induz a produção de óxido nítrico (NO), com conseqüente vasodilatação. As ectonucleotidases são enzimas responsáveis pela hidrólise dos nucleotídeos. Dados prévios demonstram que o bloqueio da síntese de NO pelo L-NAME (30 mg/Kg/dia por 14 dias), mimetizando uma situação de hipertensão arterial, diminui a hidrólise de ATP, ADP e AMP em soro e em plaquetas de ratos. Paradoxalmente, os níveis circulantes de ADP, AMP e hipoxantina também se mostraram menores nos animais tratados com L-NAME. O objetivo deste estudo é determinar o efeito do NO sobre a atividade e expressão da NTPDase1, a principal ectonucleotidase da superfície dos vasos sanguíneos, e da ecto-5'- nucleotidase em células endoteliais (CE) de aortas de ratos. Os estudos acerca dos componentes da sinalização purinérgica possuem grande relevância, uma vez que podem modular distintos processos biológicos em diferentes sistemas animais, possibilitando uma nova abordagem na terapêutica e na prevenção da hipertensão arterial. **Metodologia:** As culturas primárias de células endoteliais foram obtidas a partir da aorta de ratos e foram, posteriormente, tratadas com 10⁻⁵ M de nitroprussiato de sódio (agente doador de NO), 10⁻⁴ M L-NAME (agente inibidor da síntese de NO), 10⁻⁴ M de ATP, ADP, ATPγS e ADPβS e 10⁻⁵ M de bradicinina (agentes mobilizadores da síntese de NO). As atividades das ectonucleotidases foram avaliadas pelo método colorimétrico do Verde de Malquita. A expressão protéica será realizada por *Western Blotting* e a análise da expressão gênica será obtida por RT-PCR em tempo real. Os resultados serão calculados através das médias e desvios padrão para cada uma das medidas realizadas e a comparação entre os grupos será feita através da análise de variância (ANOVA). **Resultados e Discussão:** Os resultados preliminares mostram um êxito nas culturas primárias de CE provenientes de aortas de ratos. Ainda, verificamos que o L-NAME aumentou as hidrólises de ATP, ADP e AMP, sugerindo um acréscimo nas atividades da NTPDase1 e da ecto-5'- nucleotidase na vasculatura. Esses resultados podem explicar, mesmo que em parte, a paradoxal diminuição encontrada nos níveis circulantes de purinas em animais tratados com L-NAME. Os outros tratamentos são ainda inconclusivos e novos experimentos precisam ser realizados para sua confirmação. **Conclusões:** As atividades ectonucleotidases parecem ser moduladas pelos níveis de NO. Um acréscimo nas atividades da NTPDase1 e da ecto-5'-nucleotidase na vasculatura de indivíduos hipertensos pode representar um importante mecanismo homeostático, uma vez que a

remoção do ATP e ADP circulantes pode evitar a vasoconstrição excessiva, bem como a agregação plaquetária e formação de trombos indesejáveis nesses indivíduos.

Palavras-chave: hipertensão arterial, ectonucleotidases, óxido nítrico.

Agradecimentos: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

ESTUDOS DOS MECANISMOS ASSOCIADOS AO RELAXAMENTO VASCULAR PROMOVIDO PELO HORMÔNIO TIROIDEANO: CONTRIBUIÇÃO DO SISTEMA PURINÉRGICO

Bruna Juber de Araújo¹; Dôuglas Caixeta Nunes¹; Maria Luiza Morais Barreto-Chaves¹; Cristina Ribas Fürstenau².

¹Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia - Campus Patos de Minas, Patos de Minas, MG.

²Laboratório de Biologia Celular e Anatomia Funcional, Departamento de Anatomia, Instituto de Ciências Biomédicas - Universidade de São Paulo, São Paulo, SP.

E-mail do 1º autor: brunajuber@hotmail.com

Introdução: O hormônio tireoideano (HT) causa o relaxamento das células musculares lisas vasculares (CMLV) de maneira direta. Entretanto, os mecanismos envolvidos neste vasorelaxamento permanecem pouco conhecidos. A sinalização purinérgica pode influenciar diferentes respostas vasculares e a participação dos nucleotídeos extracelulares na regulação local e sistêmica do fluxo sanguíneo tem se tornado cada vez mais evidente. Neste sentido, a ativação dos receptores P2Y1 e P2Y2 endoteliais induz a vasodilatação local. Contrariamente, a ativação dos receptores P2X ou P2Y sensíveis às pirimidinas em CMLV promove a vasoconstrição. Considerando o importante papel do sistema purinérgico como modulador da função vascular, a proposta do presente estudo consiste em avaliar a possível participação deste sistema na vasodilatação induzida pelo T3 *in vitro* (utilizando culturas primárias de CMLV obtidas de aortas de ratos). **Metodologia:** As culturas primárias de CMLV foram tratadas com o hormônio tiroideano (T3) à uma concentração de 10^{-8} M e 10^{-7} M, por 24 horas. A expressão proteica dos receptores P2Y1, P2Y2 e P2Y6 foi avaliada pela técnica de Western Blotting e a expressão gênica dos mesmos foi obtida por RT-PCR em tempo real. A partir dos resultados obtidos em cada protocolo experimental, foram calculadas as médias e os desvios padrões para cada uma das medidas realizadas, considerando o número amostral (n) como o número de experimentos realizados com diferentes culturas de CMLV. **Resultados e Discussão:** Os resultados preliminares apontam para uma diminuição na expressão dos receptores P2Y1, P2Y2 e P2Y6 nas CMLV tratadas com o hormônio tiroideano. É interessante notar que a ativação desses receptores nas células musculares lisas vasculares por ADP, ATP e UTP/ UDP, respectivamente, leva ao aumento de cálcio intracelular, com conseqüente vasoconstrição. Assim, uma diminuição na expressão de receptores purinérgicos pró-constritores pelo T3 poderia contribuir para o efeito vasodilatador atribuído ao mesmo. **Conclusões:** Os dados obtidos até o momento indicam uma modulação no sistema purinérgico pelo hormônio tiroideano, evidenciando uma possível participação dessa sinalização no efeito vasodilatador do T3. Entretanto, experimentos adicionais são necessários para a confirmação dos resultados obtidos e da hipótese proposta.

Palavras-chave: Hormônio Tiroideano; Sinalização Purinérgica; Relaxamento Vascular.

Agradecimentos: FAPESP.

MICRONÚCLEOS EM *Antilophia galeata* Lichtenstein, 1823 (PASSERIFORME: PIPRIDAE) E SEU USO NO BIOMONITORAMENTO DE FRAGMENTOS FLORESTAIS DO CERRADO.

Vitor Carneiro de Magalhães Tolentino^{1,2}; Camilla Queiroz Baesse^{1,2}; Adriano Marcos da Silva^{1,2};
Giancarlo Ângelo Ferreira¹; Luís Pedro Mendes Paniago^{1,2}; Arthur de Andrade Silva¹; Júlio César
Nepomuceno¹; Celine de Melo¹.

¹Universidade Federal de Uberlândia, Instituto de Biologia, Uberlândia, MG

²Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Conservação de Recursos Naturais, UFU.

E-mail do 1º autor: vitorcarneiro12@yahoo.com.br

Introdução: Ações antrópicas provocam alterações abióticas e bióticas (ex. estrutura de comunidades) em diversos ambientes, inclusive os florestais. Neste cenário, são esperadas diferentes respostas dos distintos grupos taxonômicos. Um grupo sensível às condições ambientais são as aves, especialmente por responderem a diversas perturbações de forma rápida. Dentre as práticas de biomonitoramento, a quantificação de micronúcleos tem mostrado eficiente para exposição das aves a agentes químicos. Assim, a detecção de danos no DNA (ex. micronúcleos) permite o monitoramento da poluição química em determinados ambientes. *Antilophia galeata* é uma ave endêmica do Cerrado, que é abundante em florestas com diferentes níveis de perturbação, o que possibilita comparar a quantidade de micronúcleos entre populações. O objetivo deste trabalho foi quantificar e comparar a quantidade de micronúcleos em *Antilophia galeata* entre áreas com diferentes níveis de exposição à poluição química. **Metodologia:** Foram avaliados indivíduos de quatro populações no Triângulo Mineiro, capturados em dois fragmentos distantes de áreas urbanas (Água Fria e Galheiro) e dois fragmentos próximos a estas (Glória e São José). Foram realizadas duas campanhas de captura em cada área, totalizando 800 horas/redes em cada fragmento. Os indivíduos capturados foram identificados e marcados com anilhas metálicas cedidas pelo CEMAVE/ICMBio. Foram confeccionadas extensões sanguíneas, cujas lâminas foram fixadas em Metanol, coradas com solução a 5% de Giemsa e tampão fosfato. Foram analisados 5.000 eritrócitos por indivíduo em microscópio óptico. Foi realizado o teste Kruskal-Wallis para verificar se existe diferença na quantidade de micronúcleos da espécie estudada diferentes áreas. **Resultados e Discussão:** Foram analisadas 114 lâminas de 57 indivíduos. No total foram encontrados 49 micronúcleos, sendo 45 nas populações dos fragmentos próximos ao perímetro urbano (Glória e São José). Houve diferença significativa no número de micronúcleos de *A. galeata* entre as diferentes áreas ($K=9,133$; $gl=3$; $p=0,028$). Esta diferença encontrada evidencia as altas taxas de poluição encontradas nas cidades, principalmente poluição do ar. Nos fragmentos distantes das cidades, apesar da antropização (ex. cultivos e pecuária), não implicou na elevação das taxas de micronúcleos. Apesar da análise de micronúcleos ainda ser pioneira em aves, especialmente as silvestres, tem sido demonstrado, como neste estudo, a eficácia das aves como biomonitoras. Devido a suas características biológicas (endêmica, monogâmica, territorialista e abundante) e por ser sensível o suficiente para apresentar micronúcleos, *A. galeata* pode ser utilizada para monitorar a qualidade do ar. É possível que a dependência de florestas possa conferir à *A. galeata*, uma maior sensibilidade às alterações ambientais e por isso esta espécie é tão bem empregada no biomonitoramento ambiental.

Conclusões: A quantificação de micronúcleos em *Antilophia galeata* demonstrou que esta espécie pode ser utilizada como biomonitora da qualidade ambiental e que tal técnica foi eficiente.

Palavras-chave: Poluição do ar, extensão sanguínea, territorialista.

Agradecimentos: FAPEMIG (CRA APQ 0115713), CNPq (PELD-processo: 403733/2012-0), Cemig, Programa de Pós-graduação em Ecologia e Conservação de Recursos Naturais-UFU.

USO DE MICRONÚCLEOS EM AVES NO BIOMONITORAMENTO DE FRAGMENTOS FLORESTAIS DO CERRADO.

Camilla Queiroz Baesse^{1,2}; Vitor Carneiro de Magalhães Tolentino^{1,2}; Adriano Marcos da Silva^{1,2}; Giancarlo Ângelo Ferreira¹; Luís Pedro Mendes Paniago^{1,2}; Arthur Andrade Silva¹; Júlio César Nepomuceno¹; Celine de Melo¹.

¹Universidade Federal de Uberlândia, Instituto de Biologia, Uberlândia, MG

²Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Conservação de Recursos Naturais, UFU.

E-mail do 1º autor: camillabaesse@gmail.com

Introdução: A contaminação por substâncias químicas pode afetar a sobrevivência, a reprodução ou ainda o patrimônio genético de organismos expostos, gerando mutações que podem iniciar o processo de carcinogênese. A detecção de danos no DNA, como a ocorrência de micronúcleos (fragmentos de cromossomos menos desenvolvidos, separados do restante do núcleo) causados por contaminantes, pode ser uma importante ferramenta de biomonitoramento. Como as aves são sensíveis às condições do ambiente, estas são indicadores eficazes da qualidade ambiental. Assim, o objetivo deste trabalho foi determinar a ocorrência de micronúcleos em aves e o potencial de uso desta ferramenta de biomonitoramento em áreas fragmentadas de ambientes florestais de Cerrado *sensu lato* com diferentes níveis de perturbação. **Metodologia:** O estudo foi realizado em quatro áreas de florestas estacionais semidecíduais no Triângulo Mineiro, no domínio Cerrado. Dois dos fragmentos são distantes de áreas urbanas (Água Fria e Galheiro), e portanto menos sujeitos à poluição química e outros dois fragmentos próximos a áreas urbanas (Glória e São José), considerados os mais poluídos. Para captura das aves, foram feitas duas campanhas por área (duração de 5-7 dias). Foram utilizadas 25 redes de neblina por área e o esforço de campo foi padronizado em 800 horas/redes para cada fragmento. Os indivíduos capturados foram identificados e anilhados com anilhas metálicas cedidas pelo CEMAVE/ICMBio. Foram retiradas amostras de sangue das aves capturadas para a confecção de extensões sanguíneas. As lâminas foram fixadas em Metanol, coradas com solução a 5% de Giemsa e tampão fosfato. Foram contados 5.000 eritrócitos por indivíduo, analisando-se a quantidade de micronúcleos. Foram feitos testes Kruskal-Wallis, para verificar se existe variação na quantidade de micronúcleos entre as espécies e entre as diferentes áreas. **Resultados e Discussão:** Foram confeccionadas 708 lâminas de extensão sanguínea de 362 indivíduos pertencentes a 49 espécies de aves. Houve diferença significativa na quantidade de micronúcleos entre as espécies de aves analisadas ($K=30,571$; $gl=14$; $p=0,006$). Nos últimos anos têm sido realizados vários estudos utilizando o teste de micronúcleo para avaliar a condição ambiental e exposição a agentes químicos. Muitos trabalhos são realizados com mamíferos e também com peixes, anfíbios e reptéis. Para o grupo das aves o teste de micronúcleo ainda é considerado pioneiro, principalmente em relação às aves silvestres. As aves são um dos melhores organismos utilizados para monitorar a qualidade do ar, por serem sensíveis a vários poluentes. A quantidade de micronúcleos diferiu entre as áreas ($K=42,735$; $gl=3$, $p<0,01$), sendo que as mais próximas ao perímetro urbano (Glória e São José) apresentaram maior quantidade de micronúcleos. A diferença encontrada na quantidade de micronúcleos em relação a distância dos fragmentos às cidades pode ser explicada pelas altas taxas de poluição encontradas nas cidades, principalmente poluição do ar. Em

relação aos fragmentos distantes das cidades, mesmo possuindo uma matriz de entorno caracterizada por atividades agropecuárias, esta não foi suficiente para gerar altas taxas de micronúcleos. **Conclusão:** A técnica de análise quantitativa de micronúcleos em aves foi eficaz para identificar áreas com maior influência de poluição do ar.

Palavras-chave: Poluição ambiental, extensão sanguínea, eritrócito.

Agradecimentos: FAPEMIG (CRA-APQ01654-12), CNPq (PELD-processo: 403733/2012-0), CEMIG, Programa de Pós-graduação em Ecologia e Conservação de Recursos Naturais-UFU.

ÁREA IV: BIOTECNOLOGIA DE MICRORGANISMOS

AVALIAÇÃO DO TEOR DE CLOROFILA A E B NO SEGUNDO ANO DE PLANTIO DE MILHO EM CAMPO, CULTIVADO COM DIFERENTES DOSES DE NITROGÊNIO COM E SEM APLICAÇÃO DE *Azospirillum* NO ESTÁGIO V8.

Lorrayne Jacinto Pacheco¹, Thiago Prudente Siqueira¹, Ana Carolina Pereira de Vasconcelos¹, Isabel Dayane Sousa Queiroz¹, Marcos Vieira de Faria¹, Regina Maria Quintão Lan¹, Lais Alves Barbosa¹.

¹Laboratório de Análises de Solos, Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG

E-mail do 1º autor: lorryne0312@gmail.com

Introdução: O aumento da produtividade da maioria das culturas deve-se aos recentes avanços nas pesquisas, especialmente, em genética e nutrição mineral. Entre os nutrientes, o nitrogênio tem grande importância comercial, já que o processo de produção deste fertilizante é muito oneroso, chegando a ocupar 70% dos gastos dos produtores com adubos. Uma maneira de reduzir este custo é a utilização de bactérias capazes de se associarem às plantas e fixarem o nitrogênio presente na atmosfera. Nos últimos anos a pesquisa tem ampliado a busca por novas estirpes que sejam capazes de fixar N₂ para cereais e outras gramíneas, especialmente milho, trigo, sorgo, cana-de-açúcar, e forrageiras do gênero *Brachiaria*, *Pennisetum*. O objetivo deste trabalho foi avaliar a influência da bactéria *Azospirillum* no teor de clorofila a e b, no estágio vegetativo V8, de plantas de milho cultivadas em diferentes doses de nitrogênio. **Metodologia:** O experimento foi conduzido no ano de 2012/2013, na área experimental da fazenda Capim Branco, pertencente à Universidade Federal de Uberlândia (UFU). O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizados, no arranjo fatorial 2 x 5, com seis repetições. Os tratamentos consistiram da aplicação ou não da bactéria fixadora de nitrogênio - *Azospirillum* (100 mL ha⁻¹) via semente e cinco doses totais de N (0, 50, 100, 150 e 200 kg ha⁻¹), foi utilizado os produtos Masterfix Gramínea (cepas – AbV5 e AbV6) e o híbrido de milho (*Zea mays*) DKB390 VTPRO. **Resultados e Discussão:** O teor de clorofila a e b não diferiram entre ausência e presença de *Azospirillum*. No entanto, doses crescentes de nitrogênio provocaram um aumento crescente no teor de clorofila a e b. Enquanto o maior teor de clorofila b deve ser alcançado com doses além das avaliadas neste trabalho. **Conclusões:** A inoculação com bactérias diazotróficas do gênero *Azospirillum* não proporcionou incremento significativo no teor de clorofila a e b do milho. Enquanto espera-se alcançar o maior teor de clorofila a com a dose de 159 kg ha⁻¹ de N.

Palavras-chave: bactérias diazotróficas; clorofila; milho.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais- FAPEMIG.

CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE GENES DE *Aspergillus fumigatus* RELACIONADOS AO RETÍCULO ENDOPLASMÁTICO REGULADOS PELO FATOR DE TRANSCRIÇÃO CRZA

Polyane Vieira Macedo¹, Gustavo Henrique Goldman², Enyara Rezende Morais¹

¹Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia - *Campus* Avançado de Patos de Minas, Patos de Minas, MG.

²Faculdade de Ciências Farmacêuticas de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, SP.

E-mail do 1º autor: polyanevm@gmail.com

Introdução: *Aspergillus fumigatus* é um fungo saprófita e oportunista que pode causar uma variedade de condições patológicas, sendo a aspergilose invasiva pulmonar considerada a mais grave. Devido a falta de terapias efetivas, surge a necessidade do desenvolvimento de novas medidas terapêuticas no combate desse patógeno. Dentre os processos adaptativos desenvolvidos pelo fungo no hospedeiro, a via calcineurina-CrZA, dependente de cálcio, atua como mediador no processo de sinalização a várias respostas celulares. A atuação desta proteína está diretamente ligada a ativação do fator de transcrição CRZ1 (Calcineurin Responsive Zinc Finger 1), homólogo CrZA em *A. fumigatus*. A relevância desta via metabólica para o processo de infecção em mamíferos e sua influência em outras vias metabólicas revela um alvo de atuação para novas terapias antifúngicas a serem desenvolvidas. Com o intuito de ampliar o conhecimento sobre a importante via de sinalização da calcineurina/CrZA relacionada à virulência e infecção fúngicas o objetivo deste estudo foi avaliar o papel de genes relacionados ao retículo endoplasmático (RE) regulados por esta via no desenvolvimento do *A. fumigatus*. **Metodologia:** Geração de mutantes nulos e análises fenotípicas na presença de diversas substâncias. **Resultados e Discussão:** Dos 103 genes regulados pela calcineurina/CrZA e relacionados ao RE, foram selecionados cinco para este estudo: Afu6g12350, Afu7g06050, Afu4g13340 e Afu3g06880. O mutante Δ Afu6g12350 apresentou diferença de crescimento quando comparado com a cepa selvagem e maior sensibilidade ao Calcofluor White (CFW), Congo Red (CR) e Dodecil sulfato de sódio (SDS); indicando sua deficiência na membrana e parede celular. A deleção do gene Afu3g06880, provocou falha no crescimento quando comparado com a cepa selvagem na presença de SDS, indicando a deficiência na membrana celular. Entretanto, esse mutante possui maior resistência ao CR e conseqüentemente, são menos susceptíveis aos danos na parede celular. O mutante Δ Afu7g06050 demonstrou menor crescimento em relação à cepa selvagem na presença de 30 μ g/mL de CFW, indicando a presença de falhas na parede celular. O mutante Δ Afu4g13340 possui colônias ondulantes com crescimento limitado, diferentemente da cepa selvagem. Em experimento de cinética, esse mutante apresentou desenvolvimento anormal nas pontas de hifas, gerando a formação de micélio anormal. Adicionalmente, demonstrou maior sensibilidade ao SDS e a elevadas concentrações de CaCl₂, indicando defeitos na membrana. Além disso, essa deleção acarretou maior sensibilidade ao CFW, indicando defeitos na membrana. Por fim, o mutante Δ Afu4g13340 apresentou sensibilidade a todas concentrações de Paraquat, indicando defeito no combate ao estresse oxidativo. **Conclusões:** A análise dos fenótipos apresentados pelos mutantes confirma a importância da via calcineurina-CrZA em *A. fumigatus* e reafirma a necessidade

de mais pesquisas científicas a respeito desta via, visando o desenvolvimento de novas terapias efetivas de controle fúngico.

Palavras-chave: *Aspergillus fumigatus*, CrzA e retículo endoplasmático.

RECUPERAÇÃO DO LiCoO_2 PRESENTE EM BATERIAS DE ÍONS-LÍTIO: UMA COMPARAÇÃO ENTRE A LIXIVIAÇÃO QUÍMICA E A BIOLIXIVIAÇÃO POR *Aspergillus niger*

Laiane Kalita de Santana¹, Adão de Siqueira Ferreira², Sheila Cristina Canobre¹ e Fabio Augusto do Amaral¹.

¹Laboratório de Armazenamento de Energia e Tratamento de Efluentes, Instituto de Química, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG

²Laboratório de Microbiologia Agrária e Ambiental, Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG

E-mail do 1º autor: lksantana2011@yahoo.com.br

Introdução: A reciclagem é uma alternativa plausível para reduzir os impactos ambientais gerados pelo descarte de baterias de íons-lítio, além de representar uma importante fonte secundária para obtenção de cobalto. Atualmente essa recuperação tem ocorrido majoritariamente por meio de processos físicos e químicos, que apesar de serem altamente eficientes, apresentam elevado custo e são ambientalmente prejudiciais. Contudo, outro procedimento que vem ganhando importância é o processo de biolixiviação, cujo princípio consiste na solubilização de metais pela ação de microrganismos ou seus metabólitos. A biolixiviação apresenta vantagens inquestionáveis como a redução na utilização de reagentes, o preço significativamente menor e os resíduos ambientalmente menos tóxicos que aqueles originados pela lixiviação química. Tendo em vista as vantagens dos métodos químico e biológico, o objetivo do trabalho foi comparar a eficiência de ambas as metodologias na solubilização do cobalto presente no LiCoO_2 extraído de baterias de íons-lítio descartadas. **Metodologia:** Para desenvolvimento do método biológico foi isolada uma cepa de *Aspergillus niger* a partir de cascas de cebolas. *A. niger* foi utilizado devido à sua comprovada eficiência na produção de ácidos orgânicos capazes de promover a biooxidação de metais. O meio líquido de Prescott & Dunn foi utilizado para cultivo das cepas de *A. niger* isoladas. O meio de cultivo contendo os esporos de *A. niger* foi incubado sob agitação constante (100 rpm) à 32 °C, por 24 dias para crescimento dos fungos e consequente produção de ácidos. Após crescimento, a biomassa micelar obtida foi filtrada e os meios foram utilizados para biolixiviação do LiCoO_2 . Para desenvolvimento do método químico foram preparadas três soluções de ácido cítrico com concentrações diferentes: 0.01%, 0.1% e 1.0 %. Foi adicionada a cada meio 400 mg de LiCoO_2 previamente extraído de baterias de íons-lítio. A massa utilizada foi determinada com base em estudos prévios de resistência. O meio de *A. niger* e as soluções químicas contendo o LiCoO_2 foram incubadas novamente à 32 °C e 100 rpm durante 12 dias para dissolução do cobalto. As concentrações de cobalto lixiviada e biolixiviada, bem como o pH de cada meio, foi determinado a cada três dias (0, 3, 6, 9 e 12), durante os 12 dias de experimento, utilizando um espectrofotômetro de UV-Vis com $\lambda_{\text{max}} = 650 \text{ nm}$. Todos os ensaios foram realizados com três repetições e os resultados foram comparados por meio do teste de t ($\alpha = 5\%$) a partir do programa computacional Action. **Resultados e Discussão:** Por análise dos resultados, pode-se observar que a concentração de cobalto em solução aumenta ao longo dos 12 dias para ambas as metodologias. O pH dos meios utilizados também aumentou com o tempo de lixiviação, contudo, o pH variou mais lentamente no

método biológico, permitindo que este se mantivesse próximo de 5.0 ao final do experimento. Cerca de 90 % do resíduo foi biolixiviado pelo método biológico, enquanto que cerca de 80% foi lixiviado através do método químico. **Conclusão:** Os resultados do teste t permitem comprovar, com um p-valor de 0.0004 e 95 % de confiança, que a biolixiviação foi tão eficiente quanto à lixiviação química na solução de ácido cítrico à 1.0 %.

Palavras-chave: biolixiviação, lixiviação química, LiCoO_2 , *Aspergillus niger*

ÁREA V: BIOTECNOLOGIA HUMANA

ATIVIDADE CITOTÓXICA DO CUHYDPHEN, UM COMPLEXO METÁLICO DERIVADO DE COBRE(II) ASSOCIADO À HIDRAZIDA E FENANTROLINA

Jessica Brito de Souza¹; Lorena Polloni¹; Suelen Fernandes Silva¹; Pedro Henrique Alves Machado¹; Tamiris Sabrina Rodrigues¹; Sandra Morelli¹; Françoise Vasconcelos Botelho¹; Robson José de Oliveira Júnior¹.

¹Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

E-mail do 1º autor: souza.jessica@uol.com.br

Introdução: As pesquisas na área oncológica têm aumentado substancialmente na última década, em virtude da alta incidência de neoplasias que acomete a população, sendo responsável pelo surgimento de variadas doenças e pela elevada taxa de mortalidade. Dentre os tratamentos disponíveis, a quimioterapia é um dos mais utilizados por apresentar a capacidade de cura ou controle da doença. Além de possibilitar avanços e/ou melhorias advindos do surgimento de novas pesquisas, buscando estratégias terapêuticas mais eficazes. Os quimioterápicos apresentam diversas moléculas como alvo, sendo que o principal corresponde a molécula de DNA. A quimioterapia é capaz de interferir nos processos de replicação e de transcrição do DNA, impossibilitando a replicação das células e dificultando a produção de proteínas. Qualquer agente que venha a interferir nesses processos pode ser considerado como citotóxico. Dentre os compostos metálicos inorgânicos, os complexos de cobre têm demonstrado ampla capacidade de clivar o DNA, gerando uma atividade citotóxica que interfere no processo de sensibilização celular. Tal atividade faz com que eles apresentem grande aplicabilidade na terapia contra vários tipos de tumor. **Metodologia:** Neste contexto, o objetivo deste estudo foi testar a atividade citotóxica do composto metálico denominado CuHydPhen [Cu (C₅H₆N₂O₂) (C₁₂H₈N₂) (CH₃CN) (ClO₄)], resultante da complexação entre o Cobre(II), Hidrazida e Fenantrolina. Para a realização do experimento, foi utilizado a linhagem celular de camundongos RAW 264.7 cultivada em um frasco de 25cm² contendo meio RPMI-1640, cujos componentes eram 100 U/mL de penicilina, 100µg/mL de estreptomicina e 10% de soro fetal bovino inativado. As células foram mantidas em uma câmara de CO₂ 5% a 37°C. A avaliação da atividade citotóxica do complexo CuHydPhen foi realizada pelo método de ensaio colorimétrico (MTT). A análise estatística e a determinação da IC₅₀ foram feitas através do software GraphPad Prism 5.0. **Resultados e Discussão:** Os resultados obtidos indicam uma alta citotoxicidade do composto metálico, mesmo em baixas concentrações. O composto testado foi capaz de diminuir a viabilidade celular em 50% na concentração de 5,393x10⁻⁶ M. Até a concentração de 1,25x10⁻⁵M, o composto apresentou atividade citotóxica maior que 90%. Os compostos associados ao Cobre(II) também foram testados isoladamente, sendo que somente a hidrazida apresentou uma baixa citotoxicidade apenas na maior dose utilizada (10⁻⁴M). Acredita-se que a atividade citotóxica do complexo metálico é derivada da ação direta sob a molécula de DNA, uma vez que o Cobre(II) se liga ao sulco maior da molécula de DNA produzindo um espécie reativa de oxigênio (ROS), causando danos oxidativos nesta importante molécula. **Conclusões:** Diversos trabalhos demonstram que a utilização de

diferentes ligantes aos metais pode modificar sua atividade biológica. Algumas hidrazidas têm demonstrado atividade antitumoral em vários tipos de células malignas tanto *in vivo* quanto *in vitro*. A presença da fenantrolina no complexo também é de suma importância, uma vez que o Cobre(II) se torna mais reativo quando complexado a ligantes heterogêneos cíclicos com o nitrogênio como doador. Estudos que analisam o efeito dos complexos metálicos em sistemas celulares são de grande importância biotecnológica, uma vez que os dados resultantes podem ser úteis no desenvolvimento de inibidores mitóticos que tenham o DNA como alvo.

Palavras-chave: Câncer; quimioterápicos; complexos metálicos.

Agradecimentos: CNPq, UFU, FAPEMIG, CAPES.

BIOMARCADORES SALIVARES DO EXERCÍCIO FÍSICO EM ADOLESCENTES OBESOS DURANTE UM PROGRAMA DE TREINAMENTO

Renata Roland Teixeira¹, Adriele Vieira Souza¹, Allisson Benatti Justino¹, Olga Lucia Bocanegra¹, Heitor Santos Cunha¹, João Elias Dias Nunes², Nadia Carla Cheik^{1,2}, Foued Salmen Espindola¹

¹Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG, Brasil.

²Faculdade de Educação Física e Fisioterapia, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG, Brasil.

E-mail do 1º autor: rolandteixeira@yahoo.com

Introdução: A obesidade constitui um problema de saúde pública, caracterizado pelo excesso de tecido adiposo, sendo que a prevalência em adolescentes tem aumentado nos últimos anos. O exercício físico é capaz de diminuir o estado inflamatório característico da obesidade e promover uma melhora da função cardiovascular, associada à produção de óxido nítrico (NO). Além disso, a resposta imune e o eixo hipotalâmico-pituitária-adrenal (HPA) podem ser estimulados pelos diferentes tipos de treinamento físico. Dessa forma, o presente trabalho visa avaliar diferentes biomarcadores salivares como IgA, cortisol, óxido nítrico, proteína total e atividade da alfa-amilase, que estão associados ao exercício físico em adolescentes obesos submetidos a um programa de treinamento. **Metodologia:** Doze adolescentes obesos sedentários (4 meninos e 8 meninas) participaram de um programa de treinamento resistido e aeróbico durante cinco meses. Amostras de saliva não estimulada foram coletadas antes e após as sessões de exercício no primeiro e no quinto mês de treinamento. A dosagem de óxido nítrico salivar foi determinada pelo método colorimétrico de Griess, a concentração de proteína total pelo método de Bradford e a atividade da amilase salivar pela reação da enzima com o substrato GAL-G2-CNP. O cortisol e IgA salivares foram determinados por ELISA. **Resultados e Discussão:** Em relação à taxa de secreção de proteína total e cortisol salivar, nenhuma diferença significativa foi detectada durante os cinco meses de treinamento, bem como antes ou após as sessões de exercício. A taxa de secreção de nitrito salivar após o exercício aumentou significativamente ao final dos cinco meses de treinamento ($p = 0,0232$). Entretanto, nenhuma diferença foi observada antes e após as sessões de exercício. Esses dados sugerem que a obesidade é uma condição patológica que dificulta as adaptações vasculares decorrentes do exercício físico associadas ao incremento do NO, o que também pode estar relacionada a um comprometimento da resposta do eixo HPA ao exercício em adolescentes obesos. Foi observado um aumento na taxa de secreção de IgA salivar em repouso após o período de treinamento ($p = 0,0321$). Desta forma, o exercício regular e moderado possui um efeito positivo na imunidade da mucosa, o que pode contribuir para diminuir o risco de infecção do trato respiratório superior. A atividade da amilase salivar aumentou após a sessão aguda de exercício somente ao final do período de treinamento ($p = 0,0025$), sendo que esses valores também foram maiores quando comparado ao primeiro mês de treinamento ($p = 0,0120$). **Conclusões:** A partir da análise dos biomarcadores salivares antes e após as sessões de exercício e ao final do programa de cinco meses, podemos concluir que a obesidade dificulta as adaptações vasculares decorrentes do exercício físico e indivíduos obesos possivelmente apresentam uma atenuação da resposta do eixo HPA ao exercício.

Por outro lado, o treinamento físico foi capaz de reestabelecer a resposta do Sistema Nervoso Autônomo em relação ao exercício. Além disso, o exercício físico é capaz de melhorar as condições imunológicas da mucosa do indivíduo, diminuindo o risco de desenvolvimento de infecções. Dessa forma, esses biomarcadores salivares são uma estratégia interessante para avaliar a resposta fisiológica ao exercício, sendo que outros estudos podem ser realizados para verificar a resposta desses biomarcadores em estados patológicos.

Palavras-chave: saliva, exercício, biomarcadores

Agradecimentos: UFU, FAPEMIG, CNPq e CAPES

CÉLULAS TUMORAIS CIRCULANTES É O REFLEXO DO TUMOR PRIMÁRIO?

Alinne Tatiane Faria Silva¹, Thaise Gonçalves de Araújo¹, Carlos Eduardo Paiva², Letícia Lopes Dantas¹, Juliana Franco Almeida¹, Karina Marangoni¹, Patrícia Terra Alves¹, Donizeti Willian Santos³, Yara Cristina de Paiva Maia¹, Luiz Ricardo Goulart¹

¹Laboratório de Nanobiotecnologia – Instituto de Genética e Bioquímica – UFU – Uberlândia.

²Hospital de Câncer de Barretos - Departamento de Oncologia Clínica.

³Hospital de Clínicas da Universidade Federal de Uberlândia - Setor de Mastologia – UFU – Uberlândia

E-mail do 1º autor: alinnetatianefaria@gmail.com

Introdução: O câncer de mama (CM) tornou-se um problema de saúde pública mundial, caracterizado pelas altas taxas de incidência e mortalidade, muito provavelmente devido ao fato de não existir métodos efetivos para o diagnóstico precoce. As células epiteliais que compõem a glândula mamária estão arranjadas em duas camadas: a camada luminal e a camada basal. As células luminiais da glândula mamária expressam os genes das citoqueratinas (CKs) 7, 8, 18 e 19 e as CKs basais 5, 6a, 14 e 17. Tais proteínas mantêm o padrão de expressão de cada subtipo celular e ainda ocorrem alterações nos seus níveis de expressão gênica durante a transformação neoplásica. Além disso, são expressas em células tumorais circulantes (CTCs) presentes no sangue periférico, o que capacita a sua caracterização por um procedimento muito menos invasivo e doloroso em relação à biópsia. A possibilidade de sua utilização na rotina clínica é tida como um dos métodos mais promissores na oncologia. Diante disso, o estudo visou comparar o perfil transcricional das citoqueratinas 5, 6a, 8, 14 e 18 em tecido mamário em relação a CTCs presentes no sangue periférico e associar sua expressão gênica com o desenvolvimento de tumores, objetivando sua utilização como possível biomarcador diagnóstico. **Metodologia:** Mulheres que recorreram ao Hospital de Clínicas da Universidade Federal de Uberlândia para a realização de cirurgia de mama foram convidadas a participar do estudo e incluídas no grupo câncer de mama ou doença benigna da mama (DBM). Após a extração do RNA proveniente do tecido e sangue periférico, obteve-se o cDNA por transcrição reversa, o qual foi amplificado e o êxito desse processo confirmado por eletroforese. Por meio de PCR em tempo real determinou-se o perfil de expressão gênica das CKs 5, 6a, 8, 14 e 18. O processamento e análise de dados foram realizados utilizando o programa *GraphPad Prism* por meio de testes não paramétricos (teste *t*, *Mann-Whitney* e *qui-quadrado*) e considerado nível de significância estatística de 0,001. **Resultados e discussão:** Foi realizada a extração de RNA de 126 amostras, sendo 60 pacientes com CM e 66 com DBM. Foram encontradas diferenças nos níveis de expressão das CKs nos pacientes com CM em relação a pacientes com DBM tanto no tecido quanto nas CTCs. Porém ocorreu uma diminuição no número de transcritos de CKs (5, 6a, 8 e 18) no tecido e aumento nas CK5, CK6a e CK8 em CTCs nos pacientes com CM ($p > 0,001$). Tal fato pode advir da mudança do fenótipo das células tumorais de epitelial para mesenquimal (transição epitélio-mesenquimal - EMT) no tecido. Consequentemente no tecido ocorre diminuição da expressão de marcadores epiteliais, entre eles as citoqueratinas, capacitando as células tumorais a invadirem a corrente sanguínea e migrarem para sítios secundários. Essa transição epitélio-mesenquimal é reversível e o retorno das CTCs para o fenótipo epitelial inicia-se na corrente sanguínea, com o

aumento da expressão de citoqueratinas. Estudos prévios confirmam a reversão da EMT pelo fato de que lesões metastáticas e o tumor primário compartilham uma natureza epitelial semelhante. **Conclusões:** Por meio dessa constatação acredita-se que a detecção de CTCs, no perfil transcricional de CKs, pode tornar-se uma biópsia “líquida”, possibilitando o diagnóstico precoce do CM, além de permitir o prognóstico e direcionamento do tratamento.

Palavras-chave: câncer de mama, citoqueratinas, biomarcador.

Agradecimentos: CNPq, FAPEMIG.

CLIVAGEM DE ANEXINA A1 POR CATEPSINA D COMO NOVA ABORDAGEM PARA ESTUDOS DE VIAS DE SINALIZAÇÃO EM LINHAGEM DE CÂNCER DE MAMA METASTÁTICO MDA-MB-231

Mariana Alves Pereira Zoia¹; Lara Vecchi¹; Cristiano Manuel Colaço Ramos^{1,2}, Luiz Ricardo Goulart Filho¹

¹Laboratório de Nanobiotecnologia, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Universidade de Coimbra, UC, Coimbra, Portugal.

E-mail do 1º autor: marianazoia@hotmail.com

Introdução: Anexina A1 (AnxA1) é uma proteína anti-inflamatória cuja importância no câncer de mama começou a ser descrita recentemente após ser demonstrado que em estádios avançados da doença, tal proteína possui um papel importante na angiogênese, metástase e crescimento tumoral. Estudos afirmam que sua localização nuclear está associada a um pior prognóstico em vários tipos de tumores, o que indica a importância de estudos de localização de AnxA1 além de pesquisas sobre suas modificações pós-traducionais para o entendimento de sua função no câncer. Baseado nisso, esse trabalho foi desenvolvido para aprimorar o conhecimento sobre expressão, localização celular e estrutura molecular (intacta, 37KDa, e clivada, 33KDa) de AnxA1 no câncer de mama com ênfase no estudo da clivagem dessa proteína pela ação de Catepsina D, uma endoprotease lisossomal que se encontra, em diversos casos, associada a presença de metástases. **Metodologia:** Como material biológico, foram utilizadas duas linhagens de câncer de mama representativas de estádios precoce (MCF-7) e avançado (MDA-MB-231) que foram submetidas a diferentes tratamentos em cultura celular (peptídeo mimético a AnxA1, Ac2-26, inibidor de Catepsina D, Pepstatina A, e sua combinação). O tratamento com Ac2-26 mimetiza a sinalização externa de AnxA1, o tratamento com Pepstatina A mimetiza a inibição da clivagem de AnxA1 e a combinação dos tratamentos mimetiza a sinalização extracelular de AnxA1 aliada a inibição de sua clivagem. Assim, extratos proteicos totais, nucleares e sobrenadantes (meio extracelular) das células foram submetidos a análise por *Western Blotting*. **Resultados e Discussão:** Os resultados demonstraram maior expressão nuclear e extracelular de AnxA1 intacta e clivada em MDA-MB-231 comparada com MCF-7, onde AnxA1 se encontra majoritariamente localizada no citoplasma celular. O tratamento com Ac2-26 associado a Pepstatina A resulta em uma inibição da expressão de AnxA1, sugerindo que a ação da Catepsina D é importante para a translocação nuclear de AnxA1 induzida por Ac2-26. Em células MDA-MB-231, a maior secreção extracelular de AnxA1 evidencia a importância dessa proteína na sinalização extracelular que, por sua vez, poderia afetar sua própria expressão a nível nuclear no câncer de mama por meio de mecanismos que ainda estão sendo elucidados pelo grupo de estudo. **Conclusões:** Assim, demonstrou-se a importância de Catepsina D na clivagem de AnxA1 nuclear da linhagem celular metastática MDA-MB-231 e tal fato permite novas abordagens para o estudo de vias de sinalização em câncer de mama de pior prognóstico, do tipo triplo negativo, afim de proporcionar a investigação de meios que possam suprimir e/ou reverter o crescimento do tumor.

Palavras-chave: Anexina A1, Catepsina D, câncer de mama.

Agradecimentos: CAPES, CNPq e FAPEMIG

INFLUÊNCIA DOS MÉTODOS DE COLETA DE SALIVA NO PERFIL DE BIOMARCADORES SALIVARES

Allisson Benatti Justino¹, Olga Lucia Bocanegra Jaramillo¹, Renata Roland Teixeira¹, Foued Salmen Espindola¹

¹Instituto de Genética e Bioquímica – Universidade Federal de Uberlândia

E-mail do 1º autor: allissonbjustino@hotmail.com

Introdução: A saliva possui biomarcadores que atuam como indicadores do estado fisiopatológico com um elevado grau de precisão. O diagnóstico pela saliva é uma alternativa interessante, uma vez que é um método não invasivo, sensível, reprodutível, de baixo custo e que permite execuções rápidas e portáteis. Porém, o nível dos marcadores moleculares na saliva pode ser influenciado por determinados métodos de coleta. O objetivo desse estudo foi analisar o efeito dos métodos de coleta de saliva estimulada e não estimulada no fluxo salivar, na taxa de secreção de proteínas totais e óxido nítrico, na atividade antioxidante total e na concentração de alfa-amilase na saliva.

Metodologia: Amostras de saliva de 10 indivíduos saudáveis foram coletadas por métodos de estimulação, com o uso de Salivette®, Parafilme® e goma de mascar, e não estimulação salivar. A concentração de proteínas totais foi quantificada pelo método de Bradford, o óxido nítrico salivar foi determinado pelo nitrito formado com a reação de Griess, a atividade antioxidante total foi analisada pelo método de redução do ferro (FRAP) e a concentração de alfa-amilase foi analisada por Western Blot. Para evitar os possíveis efeitos do fluxo salivar, os valores das análises foram multiplicados por sua taxa. Os resultados obtidos foram analisados por One Way ANOVA para comparar as amostras entre os grupos. Apenas os valores de $p < 0.05$ foram considerados significativos.

Resultados e Discussão: O uso de goma de mascar na coleta resultou em um maior fluxo salivar, ($3,42 \pm 0,7$ mL/min), seguido pelo Salivette® e Parafilme® ($1,57 \pm 0,28$ e $1,56 \pm 0,4$ mL/min, respectivamente). A atividade antioxidante total e a taxa de secreção de proteínas totais e óxido nítrico também foram maiores na saliva estimulada com goma de mascar ($410,3 \pm 149,1$ nmol trolox eq/min, $2,37 \pm 0,52$ mg/min, $212,98 \pm 59,2$ nmol/min, respectivamente). Além disso, a saliva estimulada com Parafilme® resultou em uma taxa de secreção de proteínas maior ($1,01 \pm 0,2$ mg/min) em comparação com a saliva estimulada com Salivette® ($0,51 \pm 0,15$ mg/min) e a saliva não estimulada ($0,36 \pm 0,2$ mg/min). Não foi observada diferença no nível de alfa-amilase entre as amostras de saliva estimulada (média de 36733 pixels de densidade). Contudo, a concentração dessa enzima foi menor na saliva não estimulada (28432 ± 5806 pixels de densidade). Foi observado que o método de coleta de saliva estimulada resultou em uma maior taxa de secreção de biomoléculas na saliva. As diferenças observadas entre os métodos podem ser explicadas pelo fato de que o tipo de estimulação pode influenciar a origem e a rota de produção desse fluido biológico e, conseqüentemente, a concentração e a atividade dessas biomoléculas. A estimulação mecânica e gustativa das glândulas salivares ativam receptores autônomos, que são responsáveis pela secreção e composição da saliva. Assim, a eficácia da saliva como um fluido biológico para o diagnóstico depende da padronização dos métodos de coleta, com o objetivo de fornecer os resultados mais significativos e precisos.

Conclusões: Em comparação com a saliva não estimulada, a saliva estimulada apresentou maior fluxo salivar, maior taxa de secreção de proteínas totais e óxido nítrico, maior atividade antioxidante

e maior concentrações de alfa-amilase. Portanto, a padronização da coleta de saliva e técnicas de processamento é fundamental para minimizar o efeito das variações na composição da saliva.

Palavras-chave: biotecnologia oral, biomarcadores humanos, diagnóstico

Agradecimentos: Fapemig, CNPq, Capes e PROPP-UFU

ISOLAMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE CÉLULAS-TRONCO MESENQUIMAIS DO TECIDO ADIPOSEO HUMANO

Isabela Lemos de Lima¹; Yasmin Twanne de Cássia Silva¹; Mariana Menezes do Nascimento Feldner¹; Aline Gomes de Souza¹; Cláudia Mendonça Rodrigues¹; Luiz Ricardo Goulart¹; André Ratto Clombo²; Vivian Alonso Goulart¹

¹Laboratório de Nanobiotecnologia, Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG

²Cirurgião Plástico, Clínica Dr. André Ratto, Uberlândia – MG

E-mail do 1º autor: isabela.lemosl@hotmail.com

Introdução: Células-Tronco Mesenquimais (MSC) são aquelas retiradas de vários tecidos provenientes da mesoderme. Elas são multipotentes, apresentam plasticidade e não tem marcadores tecido-específicos. Dentre este grupo existem as Células-tronco Mesenquimais provenientes do Tecido Adiposo (ADSC), que apresentam estas características e assim se mostram muito promissoras no tratamento de lesões e vários tipos de doenças. Para se iniciar os estudos com essas células é necessário proceder o Isolamento e Caracterização das mesmas. Normalmente o isolamento das ADSC ocorre por método enzimático, utilizando a enzima colagenase. Este tipo de isolamento pode ser considerado caro, se pensarmos em uso para terapia celular. O custo da enzima e reagentes se torna significativo ao se considerar repetidos isolamentos. Pensando nestes pontos desfavoráveis no uso do método enzimático para o isolamento das ADSC, torna-se necessária a padronização de uma metodologia de isolamento não enzimático, mais rápida e com baixo custo. Por isso, é importante realizar a comparação dos dois métodos para otimizar o isolamento de ADSC. **Metodologia:** As amostras de tecido adiposo foram obtidas por lipoaspirado abdominal humano, de acordo com projeto aprovado pelo CEP N. 336.126. As amostras de tecido adiposo foram submetidas ao isolamento de células-tronco mesenquimais pelo método enzimático e não enzimático. Os dois métodos se iniciaram por decantação do material coletado, por uma hora, para separação da camada de sangue da gordura e células. No método enzimático adicionou-se ao lipoaspirado uma solução de 1mg/ml de colagenase Tipo I com tampão fosfato (PBS 1X), e incubou-se a 4° C por 30 minutos. Após este tempo a reação é parada com meio DEMEN baixa glicose com Soro Fetal bovino (SFB), centrifugada e as células são contadas e colocadas na garrafa de cultura com meio completo DEMEN baixa glicose acrescido de SFB.No método não enzimático foi colocado 30 ml do lipoaspirado em três tubos falcon para centrifugação a 3000 rpm por 5 minutos. Após lavagem com PBS e centrifugação, o precipitado foi inserido nos cantos das garrafas de cultura pequenas (25cm³) e cobertos com SFB cobrindo as amostras. Depois de 24h colocou-se novamente SFB cobrindo as amostras. Após cultivo das células, ao atingir a terceira passagem, elas foram submetidas a técnica de citometria de fluxo para caracterização utilizando marcadores CD90, CD45, CD14 E CD73. **Resultados e Discussão:** No método enzimático foi obtida grande quantidade de células, mas após alguns dias foi observada contaminação por bactérias.O que pode ser explicada pela grande quantidade de material lipoaspirado no início da metodologia. Apesar de ter sido realizado tratamento com antibiótico por 7 dias as células não se recuperaram. No método não enzimático as células se desprenderam do tecido de forma mais lenta, demorando cerca de 3 a 4 dias para obter um

rendimento considerável, mas não apresentaram contaminação bacteriana. E neste caso os resultados foram favoráveis. Após duas semanas foi possível fazer a tripsinização destas células e alcançar assim a terceira passagem, quando procedeu-se a citometria para caracterização. Após a citometria ficou comprovado a caracterização das células. O método enzimático é eficaz, obtendo bom rendimento, mas se mostrou mais susceptível à contaminação bacteriana que o método não enzimático. **Conclusões:** O método não enzimático se mostrou eficaz no isolamento de células-tronco mesenquimais, o que contribui para melhores rendimentos e menores custos no uso de ADSCs em terapias.

Palavras-chave: células-tronco mesenquimais; citometria, tecido adiposo humano.

Agradecimentos: FAPEMIG

PAPEL DA ANEXINA A1 NA SINALIZAÇÃO DE EGFR

Cristiano Manuel Colaço Ramos^{1,2}; Lara Vecchi¹; Mariana Alves Pereira Zóia¹ e Luiz Ricardo Goulart¹

¹ Laboratório de Nanobiotecnologia, Universidade Federal de Uberlândia, UFU - MG, Brasil.

² Universidade de Coimbra, UC, Coimbra, Portugal.

E-mail do 1º autor: ramos.cristiano.93@gmail.com

Introdução: Por um longo tempo Anexina A1 (AnxA1) foi considerada uma proteína anti-inflamatória, mas recentemente tem se estudado o seu envolvimento na progressão do câncer, dando origem assim a um campo de pesquisa importante em estudos de oncologia. A superexpressão do gene que codifica a AnxA1 correlaciona-se com um pior prognóstico de vários tipos de câncer, especialmente o câncer de mama triplo negativo. Neste trabalho utilizou-se duas linhagens celulares de câncer de mama, MCF-7 e MDA-MB-231, que representam os estádios iniciais e avançados de câncer de mama, respectivamente, na tentativa de analisar a expressão AnxA1 e a sua localização celular. **Metodologia:** A análise da expressão de AnxA1 foi realizada por *Western Blotting* e citometria de fluxo. A análise dos receptores de peptídeos formilados (FPRs) de superfície foi realizada em células MDA-MB-231 e MCF-7, com recurso à citometria de fluxo. O nível de fosforilação do EGFR e Akt foi analisado por meio da citometria de fluxo em células MDA-MB-231, que foram previamente fixadas e permeabilizadas com o kit Cytofix/Cytoperm™ (BD). **Resultados e Discussão:** Os resultados obtidos por *Western Blotting* revelaram que os níveis de expressão de AnxA1 nas células MDA-MB-231 são mais elevados, quando comparados com as células MCF-7. Ainda foi observado que a AnxA1 é mais intensamente secretada e localizada no compartimento nuclear, nas células MDA-MB-231. Diante destes resultados, podemos relatar uma associação tanto entre AnxA1 nuclear com agressividade tumoral, quanto entre AnxA1 secretada e agressividade do câncer de mama. Estes resultados fortaleceram a hipótese de que AnxA1 no núcleo pode perder a atividade anti-tumoral e tornar-se uma proteína com atividades pró-tumorais. Além disso, estes resultados demonstram que a secreção de AnxA1 e a sua provável sinalização por meio dos receptores de peptídeos formilados (FPRs) estão associadas a um fenótipo mais agressivo. A forma secretada de AnxA1 pode atuar através de FPRs, induzindo a proliferação das células MDA-MB-231, e esta via de sinalização pode ser mimetizada pelo uso do peptídeo N-terminal de AnxA1 (Ac2-26). No intuito de entender através de qual receptor a AnxA1 poderia estar agindo, foi feita por meio de citometria de fluxo uma análise de expressão de superfície dos receptores FPR1 e FPR2. Foi demonstrado que as células MDA-MB-231 apenas expressam FPR1, enquanto as células MCF-7 não expressam nem FPR1 nem FPR2. A sinalização de AnxA1 através de FPR1 tem sido associada com o fenótipo mais agressivo e o aumento da proliferação de células cancerígenas. Demonstrou-se que a sinalização da AnxA1 secretada pelas células MDA-MB-231 por meio do FPR1 induz um aumento da sinalização do receptor do “fator de crescimento epidérmico” (EGFR). Por meio de análise de citometria de fluxo foi analisado o nível de ativação de EGFR e Akt, utilizando anticorpos específicos contra as formas fosforiladas dessas duas proteínas. Usando Boc1 como inibidor de FPR1 verificou-se que este diminui o nível de ativação de EGFR e de Akt, por outro lado quando estimuladas com Ac2-26 as células MDA-MB-231 apresentaram aumentados níveis de fosforilação de EGFR e de Akt. **Conclusão:** Sendo assim foi demonstrado que a secreção de AnxA1 pelas células

MDA-MB-231 é importante para a ativação da sinalização do EGFR, que sabe-se ser fundamental para a capacidade invasiva das células de câncer de mama. Portanto, a inibição do FPR1 poderia se tornar uma importante ferramenta terapêutica contra o câncer de mama.

Palavras-chave: AnxA1, FPR1 e EGFR

Agradecimentos: CAPES - Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior; FAPEMIG - Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais; CNPq - Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico.

REATIVIDADE E CARACTERIZAÇÃO ESTRUTURAL DE FRAGMENTOS DE ANTICORPOS HUMANOS (scFv) SELECIONADOS CONTRA PROTEÍNAS TOTAIS DE *Strongyloides venezuelensis* POR PHAGE DISPLAY

Marcelo Arantes Levenhagen¹, Fabiana de Almeida Araújo Santos², Patrícia Tiemi Fujimura², Luiz Ricardo Goulart², Julia Maria Costa Cruz¹

¹Laboratório de Parasitologia, Instituto de Ciências Biomédicas, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG

²Laboratório de Nanobiotecnologia, Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

E-mail do 1º autor: mal@icbim.ufu.br

Introdução: A estrogiloidíase humana é uma helmintíase intestinal que pode afetar cerca de 100 milhões de indivíduos no mundo, sendo considerada uma condição negligenciada pela Organização Mundial da Saúde. Essa condição se deve principalmente a dificuldades no diagnóstico, pela liberação pequena e irregular de larvas nas fezes, favorecendo a manutenção do parasito no hospedeiro e sua disseminação a outros órgãos nos casos de imunossupressão. Objetivo: O objetivo do presente estudo foi selecionar fragmentos variáveis de cadeia única (*single-chain variable fragment* - scFv) contra proteínas totais de *Strongyloides venezuelensis* por *Phage Display*.

Metodologia: Verificar a reatividade dos clones selecionados a essas proteínas por ELISA (*enzyme-linked immunosorbent assay*) e promover a caracterização estrutural dos clones utilizando os programas de bioinformática raptor-x (<http://raptorx.uchicago.edu/>) e PyMOL (<http://www.pymol.org/>). **Resultados e Discussão:** Após dois ciclos de seleção, dos 96 clones analisados, 4 foram expressos e apresentaram reatividade a proteínas totais do parasito. Análises de sequenciamento e posterior submissão da sequência de nucleotídeos ao programa IgBLAST (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/igblast>) para obtenção da sequência de aminoácidos demonstraram que os 4 clones eram idênticos, evidenciando a eficiência do processo de seleção. As análises de bioinformática confirmaram a estrutura característica de uma molécula de scFv, pela verificação de suas cadeias leve (*light chain* - VL) e pesada (*heavy chain* - VH) assim como de suas regiões conservadas (*frame regions* - FR) e variáveis (*complementarity determining regions* - DCR).

Conclusão: Nesse estudo selecionou-se e obteve-se fragmentos de anticorpos pela técnica de *Phage Display* com eficiência, específicos a proteínas do parasito. Esses fragmentos podem ser utilizados e aplicados no desenvolvimento de novos métodos de diagnóstico, como imunossensores, que possibilitem a detecção sorológica específica e sensível da infecção pelo parasito, utilizando pequena quantidade de amostra.

Palavras-chave: estrogiloidíase humana, *Phage Display*, scFv

Agradecimentos: CNPq e FAPEMIG

ÁREA VI: BIOTECNOLOGIA VEGETAL

ANÁLISE DE TRILHA E CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES AGRONÔMICOS EM GENÓTIPOS DE SOJA DE CICLO TARDIO

Leonardo Humberto Silva e Castro¹, Osvaldo Toshiyuki Hamawaki¹, Francisco de Alcântara Neto², Silvana de Oliveira Tavares², Larissa Barbosa de Sousa¹, Ana Paula Oliveira Nogueira³, Valécia Martins de Oliveira⁴, Raphael Lemes Hamawaki¹

¹Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG

²Universidade Federal do Piauí

³Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG

⁴Universidade Estadual de Goiás.

E-mail do 1º autor: leonardohumbertoagro@hotmail.com

Introdução: A soja (*Glycine max*) está entre as principais culturas do agronegócio brasileiro. O sucesso desta cultura no Brasil se deve em parte ao melhoramento genético que desenvolveu genótipos tolerantes a estresses bióticos e abióticos, adaptados a diferentes condições edafoclimáticas. Contudo, selecionar genótipos superiores é um desafio para os melhoristas, principalmente, para os caracteres poligênicos. Por essa razão, diferentes estratégias de seleção podem ser empregadas, como por exemplo, a seleção indireta. Nesse contexto, o conhecimento das correlações entre caracteres podem auxiliar na seleção quando algum caráter apresenta dificuldade de seleção, principalmente relacionado à baixa herdabilidade e/ou dificuldades de medição e identificação. Objetivou-se neste estudo avaliar as correlações fenotípicas e genotípicas de caracteres agronômicos de soja e proceder a análise de trilha, visando identificar caracteres úteis para a seleção indireta para produtividade de grãos. **Metodologia:** O trabalho foi realizado em condições de campo, no município de Monte Alegre-PI, na safra 2012/2013. Avaliaram-se 15 genótipos de soja de ciclo tardio, sendo 14 linhagens desenvolvidas pelo Programa de Melhoramento Genético de Soja da UFU e uma testemunha (UFUS Guará). Adotou-se o delineamento de blocos completos casualizados, com três repetições. Cada unidade experimental foi constituída por cinco fileiras de plantas de soja, espaçadas em 0,5 m. A área útil de cada parcela foi constituída pelas duas fileiras centrais e eliminando 0,5 m da extremidade. Avaliaram-se os caracteres agronômicos número de dias para florescimento e maturidade, altura da planta no florescimento e maturidade, altura de inserção da primeira vagem, número de nós na haste principal, número total de vagens e produtividade de grãos, que foi corrigida para 13% de umidade. Realizaram-se a análise de correlações fenotípicas e genotípicas e, posteriormente, análise de trilha no Programa Genes. **Resultados e Discussão:** Em estudos de correlações é importante considerar a magnitude e a significância das correlações. A estimativa de correlação fenotípica entre os caracteres APF e APM foi de 0,74 e significativa ao nível de 1% de probabilidade pelo teste t e a correlação genética foi de 0,88, indicando, predominância de efeitos genéticos na natureza dessa correlação. A pleiotropia, fenômeno pelo qual, um mesmo gene influencia dois ou mais caracteres é a causa permanente das correlações genéticas. Também se observou significância a 1% pelo teste t, em relação à correlação fenotípica entre os caracteres NNOS e NV, cuja magnitude foi de 0,64. Já para os caracteres número de vagens e

produtividade de grãos, houve correlação de 0,60, significativa a 5% de probabilidade pelo teste t, sendo para esses caracteres a correlação genotípica de 0,50, indicando alta influência do ambiente. A existência de correlações significativas e de natureza fenotípica e genética é um indicativo de viabilidade da seleção indireta para obtenção de ganhos genéticos no caráter de importância principal, como por exemplo, a produtividade de grãos. Isso pode ser comprovado ao complementar os estudos de correlações, com a análise de trilha. O coeficiente de determinação (R^2) no modelo da análise de trilha, para efeitos fenotípicos, foi de 0,79 e o efeito residual de 0,46. O único efeito da análise de trilha que superou o efeito residual foi o efeito direto fenotípico de número de vagens sobre a produtividade de grãos, confirmando assim a possibilidade da seleção indireta, uma vez que o efeito direto genotípico também foi de 1,28, também superior ao efeito residual. **Conclusões:** Pela análise de correlações fenotípicas e genotípicas, concomitante com a análise de trilha foi possível concluir que o caráter número de vagens é útil para a seleção indireta na seleção de genótipos com alto desempenho produtivo.

Palavras-chave: *Glycine max*, Melhoramento genético, Seleção.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG).

AVALIAÇÃO DA INIBIÇÃO DE ALFA AMILASE SALIVAR PELOS EXTRATOS DE FRUTOS E PLANTAS DE BIOMAS BRASILEIROS

Tomasini, M. C.¹, Pereira, M. N.¹, Justino, A. B.¹, Moura, F. B. R.¹, Bomfim, P. M. S.¹, Gouveia, N. N.¹, Espindola, F. S.¹

¹Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, MG.

E-mail do 1º autor: marina_tomasini@hotmail.com

Introdução: Uma alternativa para manter os níveis de glicose pós-prandial estáveis no sangue é o uso de inibidores de enzimas, que impedem picos de hiperglicemia após as refeições a partir do bloqueio da absorção de carboidratos. A alfa-amilase é uma enzima importante no metabolismo de carboidratos, exercendo importante papel no início da digestão. Os biomas brasileiros possuem grande potencial medicinal devido a sua biodiversidade: nos frutos pode ser encontrado além de nutrientes essenciais para a alimentação humana como compostos bioativos que apresentam propriedades funcionais que possuem capacidade de regular algumas funções do organismo. Este trabalho demonstra as propriedades de inibição de amilase salivar contida nos extratos de frutos e plantas de dois biomas brasileiros, o cerrado e a Amazônia, em estudos visando a identificação destas moléculas inibitórias. **Metodologia:** Obtenção dos extratos foi feita através de duas empresas: empresa Grande Sertão (Montes Claros-MG) e empresa Cheff Mineirim (Uberlândia-MG). Para a extração aquosa, as polpas e cascas foram homogeneizadas no liquidificador com água destilada durante certo período na proporção final de 1:6 (m v-1). Após este processo, o material foi centrifugado e filtrado para a obtenção da parte solúvel ao qual foi congelada e liofilizada. Para a obtenção do extrato etanólico, as polpas e cascas homogeneizadas em um liquidificador com etanol, o material permaneceu em maceração por um período total de seis dias. No terceiro dia, o material foi filtrado e o resíduo extraído novamente com etanol, obtendo uma proporção final de 1:6 (m v-1). Após a filtragem final o solvente das duas extrações foi rotaevaporado. Os extratos foram congelados, liofilizados e armazenados. Amostra de saliva humana submetida à cromatografia de troca iônica, a inibição da saliva purificada foi sondada com os extratos de frutos. Foi observado através de um ensaio com ácido dinitrossalicílico (DNS), em que se avalia a atividade de alfa-amilase utilizando-se amido solúvel como substrato contendo Alfa-amilase e os extratos inibidores. Este método envolve quantificação de açúcares redutores formados a partir da hidrólise amilolítica do amido. Os ensaios foram realizados em microplacas de 96 poços em amilase e amostras de extratos aquosos liofilizados (10mg/ml) de Cajamanga (*Spondias dulcis*), Pequi (*Caryocar brasiliense*), casca de Lobeira (*Solanum lycocapum*), Coquinho Azedo (*Butia capitata*) e Mama-cadela (*Brosimum gaudichaudii*). Com extratos etanolicos liofilizados (10 mg/ml) das espécies: Pequi (*Caryocar brasiliense*), Catuaba (*Anemopaegma arvensis*), Marapuama (*Ptychopetalum olacoides*), coquinho azedo (*Butia capitata*) e Mama-cadela (*Brosimum gaudichaudii*). **Resultados e Discussão:** Dos extratos avaliados no presente estudo, alguns apresentaram uma inibição de alfa-amilase mais expressiva, representados por Mama-cadela etanólica e aquosa com 100% de inibição, o Coquinho Azedo com 92,2%, a Coquinho Azedo etanólico com 89,7%, o Pequi aquoso com

49,9%, o Pequi etanólico com 49,3%, a Marapuama etanólica com 24,6% de inibição, a Casca Lobeira aquosa com 11,5% e a Catuaba com 0% demonstrando que não apresentou nenhuma atividade de inibição sobre a alfa-amilase salivar. Os resultados descobertos estabelecem uma relação de inibição da alfa-amilase pelos extratos investigados: alguns com total inibição e outros com atividade de inibição parcial, e esta descoberta pode propor um possível controle glicêmico.

Conclusões: De acordo com o presente estudo existe uma correlação positiva entre a inibição da alfa amilase através dos frutos e plantas do cerrado e da Amazônia analisados. Esta correlação pode ser uma promissora alternativa no tratamento de doenças crônicas não transmissíveis e permitir maiores estudos dos extratos e seus compostos bioativos com propriedades funcionais.

Palavras-chave: Alfa-amilase, Inibidores, Extratos

AVALIAÇÃO DO USO DE *Hymenaea stigonocarpa* Mart. ex Hayne SOB O CONTROLE GLICÊMICO EM ANIMAIS DIABÉTICOS INDUZIDOS POR ESTREPTOZOTOCINA

Hélen Lara Machado¹, Francielle Borges Rosa de Moura, Neire Moura de Gouveia, Danielle Diniz Vilela, Nathalia Belele Baptista, Wener Barbosa Resende, Foued Salmen Espindola²

E-mail do 1º autor: helenlagoa@hotmail.com

Introdução: O diabetes mellitus é uma doença caracterizada por uma hiperglicemia persistente, resultante de defeitos na secreção e/ou na sensibilidade à ação da insulina. As plantas medicinais têm sido utilizadas para controlar glicemia e/ou inibir sintomas e complicações características do diabetes. Uma abordagem terapêutica na redução da glicemia é a diminuição da hiperglicemia pós-prandial. Isto é feito para retardar a absorção de glicose por meio da inibição de enzimas (alfa-amilase e alfa-glicosidase) no aparelho digestivo, envolvidas na digestão de carboidratos. Alguns estudos têm demonstrado uma potencial atividade hipoglicemiante da farinha de *Hymenaea stigonocarpa* Mart. ex Hayne (Fabaceae), uma espécie do Cerrado brasileiro conhecida por jatobá, no entanto não há nenhuma evidência farmacológica dos efeitos do extrato de sua polpa, sendo importante pesquisa que busque validar tal indicação. **Metodologia:** A polpa de *H. stigonocarpa* foi utilizada para a determinação da composição centesimal e para o preparo dos extratos (aquoso, etanólico, hexânico e metanólico), obtidos por maceração. O potencial antioxidante foi determinado pelo ensaio do DPPH (2,2-difenil-1-picrilhidrazil) e a inibição da alfa-amilase pelo método GalG2CNP (α -(2-cloro-4-nitrofenil)- β -1,4-galactopirana-nosilmaltoside). Para a avaliação dos efeitos do extrato aquoso de *H. stigonocarpa* sobre os parâmetros glicêmicos e bioquímicos séricos, os animais foram divididos em grupos não diabéticos (ND) e diabéticos induzidos por estreptozotocina (60 mg/Kg) (D). Os animais foram tratados por 20 dias e os grupos controle receberam água (D e ND) e os ratos diabéticos foram tratados com *H. stigonocarpa* (500 mg/kg) (DHS), por gavagem e insulina (5U/dia) por via subcutânea (DI). Os resultados são apresentados como média±E.P.M e comparados através de Análise de Variância (ANOVA), seguido pelo pós-teste Dunnett. Os valores foram considerados significativos quando $p < 0,05$. **Resultados e Discussão:** A composição centesimal da polpa de *H. stigonocarpa* apresentou os seguintes resultados (g/100g): umidade (8,78), fibra alimentar (4,77), lipídeos (2,63), proteínas (4,53), cinzas (4,78), carboidratos (74,51), cálcio (0,56), fósforo (0,37) e valor energético total (339,83 kcal/100g). O extrato aquoso de *H. stigonocarpa* apresentou a maior atividade antioxidante ($IC_{50} = 9,46$ mg/mL), seguido dos extratos metanólico (20,84 mg/mL) e etanólico (39,54 mg/mL). Os extratos aquoso, hexânico e metanólico mostraram atividade inibidora da alfa-amilase de 91%, 87% e 21%, respectivamente. A farinha de *H. stigonocarpa* apresenta um teor de umidade reduzido, elevado conteúdo de carboidratos, minerais, fibra alimentar e valor energético, o que demonstra o seu potencial como ingrediente para o enriquecimento nutricional de produtos. Apesar de apresentar uma alta capacidade antioxidante e inibitória da alfa amilase *in vitro*, o grupo DHS ($592,40 \pm 7,63$ mg/dl) não apresentou uma redução da glicemia de jejum ($P < 0,001$), quando comparado com os grupos ND ($87,40 \pm 1,41$ mg/dl) e DI ($49,56 \pm 3,39$ mg/dl). Quanto ao peso houve uma redução no grupo DHS ($168,5 \pm 7,17$ g) ($P < 0,001$) em relação aos grupos ND ($306,00 \pm 4,14$ g) e DI ($324,3 \pm 6,08$ g). Em relação aos parâmetros

bioquímicos sanguíneos o grupo DHS apresentou somente um aumento nos níveis de ureia ($P < 0.05$) em comparação ao grupo D. **Conclusões:** O conhecimento sobre a composição química dos frutos do Cerrado é um elemento importante para a realização de pesquisas sobre os benefícios de sua ingestão na saúde humana. Apesar de não apresentar atividade hipoglicemiante no modelo experimental utilizado, o fruto de *H. stigonocarpa* possui elevado valor nutricional, propriedades inibitórias da alfa-amilase *in vitro* e atividade antioxidante. Por isso tem grande potencial para ser incorporado na dieta e de ser usado como ingrediente em produtos alimentícios e para fins medicinais.

Palavras-chave: *Hymenaea stigonocarpa*, antioxidante, alfa-amilase.

Agradecimentos: FAPEMIG, CAPES, REDE FITOCERRADO.

CARACTERÍSTICAS INTRÍNSECAS DA FIBRA DE 22 GENÓTIPOS DE ALGODOEIRO BRANCO

Daniel Bonifácio Oliveira Cardoso¹, Elvécio Gomes da Silva Júnior¹, Letícia de Souza Marcório¹, Larissa Barbosa de Sousa¹, Julio César Viglioni Penna¹, Kian Eghrari Moraes¹, Lucas Martus¹, Ivan Martus¹

¹Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

E-mail do 1º autor: danieludia13@hotmail.com

Introdução: O algodão é a mais importante das fibras têxteis, naturais ou artificiais, seja analisando o aspecto de valor econômico da produção, ou por volume. Isto se dá pelo fato do algodoeiro produzir uma enorme variedade de produtos, oriundo de suas fibras. As características tecnológicas das fibras são condicionadas pela genética, porém podem ser alteradas em decorrência do meio ambiente, pragas, solo, doenças, dentre outros. Neste trabalho objetivou-se avaliar as características tecnológicas da fibra do algodoeiro entre 22 genótipos de algodão de fibra branca e a herdabilidade de tais características, com a finalidade de realizar uma seleção com base nas diferenças genéticas.

Metodologia: As populações foram derivadas de cruzamentos biparentais. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos completos casualizados (DBC) com três repetições e parcela experimental composta de quatro linhas de cinco metros espaçadas de um metro. As características tecnológicas da fibra foram determinadas pelo aparelho HVI (*High Volume Instrument*). Avaliou-se o índice micronaire (IM), índice de consistência, maturidade da fibra (MF), comprimento da fibra (UHM) (mm), uniformidade de comprimento (UC) (%), índice de fibras curtas (IFC) (%), resistência (RES) (gf/tex), alongamento (ALONG), reflectância (REF) e grau de amarelecimento (AMA). Todas as análises foram realizadas com o Programa Genes (Aplicativo computacional em genética e estatística) e o teste de médias utilizado foi o de Scott-Knott a 5% de probabilidade, para cada caractere.

Resultados e Discussão: Nas características índice de consistência de fibra, uniformidade de comprimento, índice de fibras curtas e resistência o coeficiente de variação ficou entre 1,08% e 10,22%, indicando boa precisão experimental. Quanto à índice micronaire, comprimento, alongamento e reflectância, o coeficiente esteve entre 2,55% e 5,87%. A maturidade da fibra apresentou coeficiente de variação de 1,24%. Para as características índice de consistência de fibra, uniformidade de comprimento, índice de fibras curtas e resistência, os genótipos foram reunidos em 3 grupos estatisticamente diferentes, porém muito similares, com os genótipos 17 e 20 em grupos distintos dos demais. Índice micronaire, comprimento, alongamento e reflectância agruparam os acessos em 2 grupos. Os genótipos 17 e 20 não obtiveram diferença significativa entre si para formarem grupos diferentes. Os genótipos para a característica maturidade de fibra são estatisticamente iguais. Todas as características avaliadas apresentaram valores de herdabilidade alta ou muito alta, com exceção de maturidade de fibra, que apresentou 38%. Os maiores valores foram encontrados para reflectância e grau de amarelecimento, com 98,65% e 99,53% respectivamente, o que demonstra que as diferenças entre os genótipos para esses caracteres são de maior parte genética.

Conclusões: Houve variabilidade fenotípica entre os genótipos avaliados, sendo para maioria dos

caracteres as diferenças de causa genética. O genótipo 12 se destacou com melhores médias de característica tecnológica da fibra.

Palavras-chave: variabilidade genética, anova, *Gossypium hirsutum*.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais - FAPEMIG.

Coeficiente de determinação genotípico e variabilidade fenotípica para caracteres agronômicos em soja

Raphael Lemes Hamawaki¹, Osvaldo Toshiyuki Hamawaki¹, Ana Paula Oliveira Nogueira², Larissa Barbosa de Sousa¹, Paulo Henrique Nardon Felici¹, Francisco de Alcântara Neto³, Silvana de Oliveira Tavares¹, Raphael Henrique Oliveira da Silva¹.

¹Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG

³Universidade Federal do Piauí, Teresina, PI

E-mail do 1º autor: raphael.hamawaki@yahoo.com.br

Introdução: A cultura da soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é considerada uma das mais importantes culturas do Brasil e do Mundo. No Brasil, o complexo soja é um dos que mais se destacam pela expressiva participação nas exportações, sob a forma de farelo, óleo e grãos. Nos programas de melhoramento de soja a seleção de genótipos superiores é feita com base nos valores fenotípicos, expressos pelos efeitos genéticos e ambientais. Estudos de variabilidade genética são primordiais no melhoramento genético, pois permitem a identificação de genótipos divergentes, auxiliando, conseqüentemente na seleção de genótipos superiores, bem como a possibilidade de predizer o ganho de seleção. O objetivo deste trabalho foi avaliar a variabilidade fenotípica entre genótipos de soja e estimar o coeficiente de determinação fenotípica de caracteres agronômicos de soja, que são o objetivo de programas de melhoramento. **Metodologia:** O experimento foi instalado no município de Monte Alegre-PI, na safra 2012/2013. Os tratamentos foram constituídos de 15 genótipos de soja, sendo, uma cultivar: UFUS Guará; e quatorze linhagens desenvolvidas pelo Programa de Melhoramento de Soja da UFU, dispostos em delineamento de blocos completos casualizados, com três repetições. A parcela experimental foi composta por cinco fileiras de plantas de soja com 5,0 m de comprimento, espaçadas por 0,5 m. Na área da parcela útil, em cinco plantas amostradas aleatoriamente, foram avaliados os caracteres agronômicos: altura da planta no florescimento (APF); altura da planta na maturidade (APM); altura de inserção da primeira vagem (AIPV); número de nós na haste principal (NNOS); número total de vagens (NTVAG), números de dias para o florescimento (NDF); números de dias para a maturidade (NDM) e em toda parcela útil a produtividade de grãos (PROD). Após a colheita, as plantas foram trilhadas e as sementes foram pesadas e determinou-se a produtividade em kg.ha⁻¹, corrigida para 13% de umidade. As análises foram realizadas utilizando o programa computacional Genes. **Resultados e Discussão:** O coeficiente de determinação genotípico foi de 0% para o caráter AIPV, indicando assim, que toda variabilidade fenotípica é de causa ambiental. Por outro lado, para os caracteres NDF, NDM, APF, NNOS e PROD os valores de H² foram superiores a 70% evidenciando que predominam causas genética na variabilidade fenotípica. Para os demais caracteres AP e NTVAG, o H² foram respectivamente de 48% e 34%. Houve variabilidade fenotípica em relação à APF, 10 linhagens tiveram maior altura que a cultivar UFUS Guará. Já em relação à APM apenas sete linhagens tiveram altura superior a cultivar UFUS Guará. Considerando o NNOS apenas duas linhagens foram superiores ao cultivar. Para o caractere NDF cinco linhagens apresentaram ciclo vegetativo mais longo que a cultivar UFUS Guará. Para o

caractere produtividade os 15 genótipos se dividiram em 3 faixas (1837 - 2906 kg.ha⁻¹, 3093 - 3699 kg.ha⁻¹ e 5387 kg.ha⁻¹), onde a cultivar UFUS Guará se estabeleceu na faixa de menor produtividade junto com outras sete linhagens, já seis linhagens ficaram situadas na faixa média de produtividade e apenas uma (linhagem 6) no maior nível. **Conclusões:** Em relação o coeficiente de determinação genotípico, apresentaram os maiores valores NDF, NDM, APF, APM e PROD. O efeito ambiental foi intenso para os caracteres AIPV E NTVAG. A variabilidade fenotípica dos caracteres NDF, NDM, APF, APM, NNOS e PROD, permitiram identificar linhagens de soja que apresentavam altura, ciclo e alto desempenho produtivo.

Palavras-chave: dissimilaridade, melhoramento, *Glycine max*.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais- FAPEMIG.

COMPARAÇÃO DE MÉTODOS DE AGRUPAMENTO PARA O ESTUDO DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE SOJA

Morony Martins Oliveira¹, Suelen Martins de Oliveira², Osvaldo Toshiyuki Hamawaki², Larissa Barbosa de Sousa¹, Ana Paula Oliveira Nogueira³, Fábio Serafim Marques², Raphael Henrique Oliveira da Silva², Monique Laís Santos²

¹Programa de Melhoramento de Algodão, Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Programa de Melhoramento de Soja, Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, campus Monte Carmelo-MG.

³Programa de Melhoramento de Soja, Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

E-mail do 1º autor: morony91@gmail.com

Introdução: Os Programas de Melhoramento Genético de Soja têm papel essencial no desenvolvimento de genótipos com produtividades superiores aos materiais já conhecidos. Assim, a diversidade genética é analisada com intuito de prever combinações híbridas com maior efeito heterótico, discriminando híbridos geneticamente distantes. O sucesso do melhoramento vegetal depende do uso de métodos que aumentem a possibilidade de formação de genótipos superiores. O presente trabalho objetivou agrupar os genótipos em função da dissimilaridade genética e identificar as combinações híbridas superiores promissoras na seleção de progênies. **Metodologia:** O experimento foi conduzido na safra 2009/2010 no município de Ituverava-SP, georeferenciado em 47° 47' W e 20° 20' S, altitude de 631 m, em Latossolo Vermelho-Amarelo. O delineamento experimental foi o de blocos completos casualizados com 3 repetições e 22 genótipos do Programa de Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Uberlândia. Cada parcela foi constituída de 4 linhas de plantas de soja de 5 m de comprimento, espaçadas de 0,5 m entre si. O desempenho agrônomo dos genótipos de soja foi avaliado com base no número de dias para floração, número de dias para maturação, altura de planta na floração, altura de planta na maturação, altura de inserção da primeira vagem e produtividade de grãos. Com base nas médias dos caracteres avaliados, a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) foi utilizada como medida de dissimilaridade entre os pares de linhagens. A partir da matriz de distância genética foi aplicado os métodos de agrupamento não-hierárquico de Tocher e hierárquico UPGMA (distância média). **Resultados e Discussão:** O agrupamento pelo método de Tocher propôs a formação de nove grupos (I-UFU 1, 8, 15 e Impacta; II- UFU 12, 5 e 19; III- UFU 4, 11 e 18; IV- UFU 6, 13 e Emgopa 316; V- UFU 2, 9 e 16; VI- UFU 14 e Guarani; VII- UFU 13 e 10; VII- UFU 17 e IX- UFU 7). Enquanto que no método UPGMA se considerarmos o corte ao nível 42% de similaridade foi possível notar a formação de sete grupos distintos, não havendo a formação de grupos unitários. Houve concordância para o agrupamento, com exceção dos genótipos UFU-10 e UFU-13, e dos genótipos UFU-7 e UFU-17, que foram alocados no mesmo grupo e em grupos unitários, respectivamente, pelo agrupamento de Tocher. As diferenças na quantidade de grupos formados entre os métodos de Tocher e UPGMA ocorrem porque o método de Tocher estabelece grupos de forma que a distância média intragrupos seja sempre

inferior a qualquer distância intergrupos. Por outro lado, nos métodos hierárquicos, como o UPGMA, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, sendo estabelecido um dendrograma, sem preocupação com o número ótimo de grupos. Assim, independentemente do método escolhido, a formação de grupos demonstra um bom grau de divergência genética, existência de variabilidade e a possibilidade de se identificar genótipos com características agronômicas complementares. Considerando a obtenção de cultivares de alta produtividade de grãos é possível indicar três cruzamentos, os quais são: UFU 12 x UFU 14, UFU 12 x Emgopa-316 e UFU 14 x Emgopa 316. **Conclusões:** O método de Tocher possibilitou a formação de nove grupos enquanto que no método UPGMA foram formados sete grupos; Visando-se alta produtividade, recomenda-se os cruzamentos: UFU 12 x UFU 14, UFU 12 x Emgopa-316 e UFU 14 x Emgopa 316.

Palavras-chave: *Glycine max*; dissimilaridade genética; mahalanobis.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais - FAPEMIG.

Componentes principais e importância relativa de caracteres fenotípicos no agrupamento de linhagens e cultivares de soja de ciclo precoce

Renato Gomes de Souza¹, Osvaldo Toshiyuki Hamawaki¹, Francisco de Alcântara Neto², Ana Paula Oliveira Nogueira³, Larissa Barbosa de Sousa¹, Paulo Henrique Nardon Felici¹, Leandro Yoshiaki Muraoka¹, Valécia Martins de Oliveira¹

¹Instituto de Ciências Agrárias e Ambientais (ICIAG/UFU), Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia – MG.

²Universidade Federal do Piauí, Teresina-PI.

³Instituto de Genética e Bioquímica da Universidade Federal de Uberlândia – UFU, Uberlândia-MG.

E-mail do 1º autor: rmosouza@yahoo.com.br

Introdução: A soja é uma das culturas que apresenta maior crescimento em área plantada no segmento agroindustrial brasileiro. Cada cultivar expressa múltiplas informações, expressas pelas medidas de dissimilaridade, representando a diversidade que há nos conjuntos de cultivares. Por isso, estudos de diversidade genética são primordiais no melhoramento genético, pois permitem a identificação de genótipos divergentes, auxiliando, conseqüentemente na seleção de genitores. O objetivo deste trabalho foi agrupar genótipos de soja por meio da análise de componentes principais e determinar a importância de caracteres agrônômicos na diversidade genética da soja. **Metodologia:** O experimento foi instalado no município de Monte Alegre-PI. Os tratamentos foram constituídos de 10 genótipos de soja, sendo, duas cultivares: UFUS Tikuna e UFUS Carajás; e oito linhagens desenvolvidas pelo Programa de Melhoramento de Soja da UFU, dispostos em delineamento de blocos completos casualizados, com três repetições. A parcela experimental foi composta por cinco fileiras de plantas de soja com 5,0 m de comprimento, espaçadas por 0,5 m. Na área da parcela útil, foram avaliados os caracteres agrônômicos: altura da planta no florescimento e maturidade (APF e APM); altura de inserção da primeira vagem (APV); número de nós na haste principal (NN); número de vagens (NV), em cinco plantas da parcela útil, número de dias para o florescimento e maturidade (NDF e NDM). Após a colheita, as plantas foram trilhadas e as sementes foram pesadas e determinado a produtividade em kg.ha⁻¹ (PROD). Foi utilizado a distância generalizada de Mahalanobis (D²), como medida de dissimilaridade. Também foi utilizado o critério de Singh (1981) para quantificar a contribuição relativa dos caracteres agrônômicos na divergência genética. As análises foram realizadas utilizando o programa Genes. **Resultados e Discussão:** Pela contribuição relativa de cada caráter na dissimilaridade genética, observou-se o número de dias para a maturidade (82,96%) foi a mais eficiente em explicar a dissimilaridade entre as cultivares, devendo ser priorizado na escolha de progenitores divergentes. O número de dias para o florescimento (NDF), foi a segunda em importância no estudo da divergência. A produtividade de grãos (PROD), por sua vez, contribuiu pouco na divergência, com 1,54%. Contudo está característica é de grande importância para os programas de melhoramento, pois passa à contribuir para uma maior probabilidade de obtenção de linhagens elites. Pela dispersão dos dois primeiros componentes principais foi possível inferir sobre o padrão de similaridade dos genótipos estudados, separando-os em quatro grupos. O grupo 1 reuniu as linhagens UFUS-3-2013PI, UFUS-4-2013PI, UFUS Carajás; o grupo 2 foi

constituído pelo genótipo isolado UFUS-7-2013PI; o grupo 3 reuniu UFUS-5-2013PI, UFUS Tikuna, UFUS-8-2013PI; e o grupo 5 foi formado por UFUS-1-2013PI, UFUS-6-2013PI, UFUS-8-2013PI. Pelo padrão de agrupamento, pode-se indicar a seleção de genitores divergentes, pelo cruzamento entre genótipos pertencente a grupos distintos. **Conclusões:** O número de dias para a maturação (NDM) foi o caráter fenotípico que mais contribuiu para a dissimilaridade genética entre os genótipos. Pode - se obter populações segregantes com variabilidade superior pelas hibridações entre populações distantes.

Palavras-chave: Glycine max, dissimilaridade, multivariada.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais- FAPEMIG.

CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES EM GENÓTIPOS DE ALGODOEIRO PROVENIENTES DE CRUZAMENTOS BIPARENTAIS

Morgana Coelho Mamede¹, Elvécio Gomes da Silva Júnior¹, Daniel Bonifácio Oliveira Cardoso¹, Morony Martins Oliveira¹, Larissa Barbosa de Sousa¹, Julio César Viglioni Penna¹, Kian Eghrari Moraes¹, Ivan Martus¹

¹Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

E-mail do 1º autor: morganamamede@hotmail.com

Introdução: O algodoeiro produz uma das mais importantes fibras têxteis do mundo, oferecendo variados produtos de utilidades altamente beneficiadas na economia brasileira. A cultura está entre as dez maiores fontes de riqueza do agronegócio. As características tecnológicas da fibra, ainda que condicionadas por fatores hereditários, sofrem decisiva influência dos fatores ambientais segundo as situações de cultivo. A correlação entre dois caracteres pode ser de natureza fenotípica, genotípica ou ambiental, visto que as correlações genotípicas que abrangem uma associação de natureza herdável tem maior mérito para o melhoramento. Os objetivos deste estudo foram avaliar as correlações fenotípicas e genotípicas entre características tecnológicas da fibra de algodão, visando fornecer subsídios para fins de seleção a ser adotada no programa de melhoramento genético de algodoeiro da Universidade Federal de Uberlândia. **Metodologia:** O experimento foi conduzido em uma área experimental localizada na Fazenda Capim pertencente à Universidade Federal de Uberlândia, no município de Uberlândia, Minas Gerais, na safra 2011/2012. Foram avaliados 22 genótipos de algodoeiro provenientes de cruzamentos biparentais. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos completos casualizados (DBC) com três repetições. A parcela experimental constituiu-se de quatro linhas de cinco metros espaçadas de um metro. Avaliou-se doze caracteres, rendimento de pluma (%), produtividade de algodão em caroço (kg ha⁻¹), índice micronaire (IM), maturidade da fibra (MF), comprimento da fibra (UHM) (mm), uniformidade de comprimento (UC) (%), índice de fibras curtas (IFC) (%), resistência (RES) (gf/tex) e alongamento (ALONG). Foram estimadas as correlações fenotípicas e genotípicas entre caracteres. As análises estatísticas foram realizadas com o Programa Genes (Aplicativo computacional em genética e estatística). **Resultados e Discussão:** Foi possível constatar que as maiores correlações fenotípicas foram para os caracteres comprimento x índice de fibras curtas (-0,9835); índice de fibras curtas x resistência (-0,9736); uniformidade de comprimento x índice de fibras curtas (-0,9217) e comprimento x resistência (0,9528). Observamos que o índice de fibras curtas possui uma associação inversa entre os caracteres comprimento, resistência e uniformidade de comprimento, o que indica que se um caráter aumenta o outro diminui. O rendimento de pluma e índice de micronaire apresentaram alta correlação positiva, indicando que a seleção baseada nestes caracteres pode viabilizar o melhoramento genético do algodoeiro, ou seja, selecionar plantas com pluma de elevado índice de micronaire, proporcionará maior resistência, maior comprimento e uniformidade da fibra assim como superioridade na grossura das paredes da fibra. Já as categorias maturidade de fibra, uniformidade de comprimento, índice de fibras curtas, resistência e alongamento apresentaram correlações negativas e de alta magnitude, logo a seleção

visando maiores valores para um deles resultará em menores valores para o outro. **Conclusões:** As correlações genóticas entre os caracteres apresentam igual sinal e, para maioria dos casos, valores superiores às suas respectivas correlações fenotípicas, demonstrando que a expressão fenotípica é reduzida com a influência ambiental. A seleção de plantas com alto rendimento de pluma associada a alto índice de micronaire adequará maior resistência, maior comprimento e uniformidade da fibra assim como superioridade na grossura das paredes da fibra.

Palavras-chave: *Gossypium hirsutum*, seleção indireta, qualidade da fibra.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais- FAPEMIG.

Correlações fenotípicas e genéticas entre caracteres agronômicos em linhagens e cultivares de soja de ciclo precoce

Leandro Yoshiaki Muraoka¹, Osvaldo Toshiyuki Hamawaki¹, Francisco de Alcântara Neto³, Larissa Barbosa de Sousa¹, Ana Paula Oliveira Nogueira², Monique Lais Santos², Valécia Martins de Oliveira¹, Renato Gomes de Souza¹.

¹Instituto de Ciências Agrárias e Ambientais, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

³Universidade Federal do Piauí.

E-mail do 1º autor: leandromuraoka@gmail.com

Introdução: A cultura da soja é muito importante no contexto econômico e social brasileiro, respondendo por 49% de toda área plantada. Segundo a CONAB, Mato Grosso é o maior produtor da oleaginosa, sendo responsável por 29% da produção nacional. Na safra 2013-2014 a produção brasileira passou de 82 para 90 milhões de toneladas, um incremento de 10 % na produção de soja. Sendo a seleção de genótipos superiores um desafio para os melhoristas de plantas, os conhecimentos das correlações fenotípica e genética são fundamentais para definição das estratégias de melhoramento, principalmente para os caracteres de natureza poligênica e/ou os de difícil mensuração. Nesse contexto, objetivou-se com este trabalho avaliar as correlações fenotípica e genética entre caracteres agronômicos de soja para fins de estratégia de seleção indireta. **Metodologia:** O experimento foi conduzido em Monte Alegre-PI utilizando 10 genótipos de soja precoce, na safra 2012/2013. O delineamento experimental utilizado foi em blocos ao acaso, com 3 repetições. Cada parcela foi composta por 5 linhas de plantas de soja de 5 metros, espaçadas em 0,5m entre linhas. Avaliaram-se: número de dias para florescimento (NDF), número de dias para maturação (NDM), altura de planta no florescimento (APF), altura de planta na maturação (APM), altura de inserção de primeira vagem (AIPV), número de nós (NNOS), número total de vagens (NTVAG) e produtividade (PROD). **Resultados e Discussão:** As correlações significativas foram de alta magnitude, sendo as correlações genéticas superiores as fenotípicas, o que demonstra a predominância de efeitos genéticos na natureza dessa correlação. Identificou-se que o caráter altura de planta no florescimento apresentou correlação fenotípica significativa e de alta magnitude com a altura de planta na maturidade (0,82) e correlação genética superior (1,00). Observou-se também correlação genotípica superior a fenotípica entre o caráter número de dias para o florescimento e maturidade, de 0,94 e 1,00, respectivamente. **Conclusões:** Com base nos dados obtidos foi possível concluir possibilidade de seleção de plantas de soja quanto ao ciclo na fase de florescimento.

Palavras-chave: correlação genética, seleção de caractere, *Glycine max*.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais- FAPEMIG.

DESEMPENHO PRODUTIVO DE GENÓTIPOS DE SOJA NOS ESTADOS DE TOCANTINS, BAHIA, MARANHÃO E PIAUÍ

Luiz Ferreira Mendes¹, Larissa Barbosa de Sousa¹, Osvaldo Toshiyuki Hamawaki¹, Suelen Martins de Oliveira¹, Ana Paula Oliveira Nogueira², Renato Gomes de Souza¹, Francisco de Alcântara Neto³, Analy Castilho Polizel⁴

¹Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG

³Universidade Federal do Piauí, Teresina, PI.

⁴Universidade Federal do Mato Grosso, Rondonópolis, MT.

E-mail do 3º autor: hamawaki@umuarama.ufu.br

Introdução: A expansão da cultura da soja no cerrado brasileiro vem ocupando áreas inexploradas a cada ano. Para que novas áreas sejam exploradas e/ou ocorra aumento de produtividade, os programas de melhoramento têm como meta o desenvolvimento de linhagens e de novas cultivares de soja melhor adaptadas às regiões de semeadura. Como é necessário avaliar os genótipos em diferentes condições de clima, solo e ataque de pragas e doenças, o objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho produtivo de linhagens de soja de ciclo semitardio/tardio nos Estados da Bahia, Tocantins, Maranhão e Piauí; designados como a nova fronteira agrícola brasileira. **Metodologia:** Os ensaios foram realizados nos municípios de Balsas-MA (07° 31' 58" Sul, 46° 02' 09" Oeste, 247m de altitude), Chapadinha-MA (03° 44' 31" Sul, 43° 21' 36" Oeste, 105m de altitude), Bom Jesus-PI (09° 04' 28" Sul, 44° 21' 31" Oeste, 277m de altitude), Formoso do Rio Preto-BA (11° 02' 53" Sul, 45° 11' 35" Oeste, 490m de altitude) e Porto Nacional-TO (10° 42' 28" Sul, 48° 25' 01" Oeste, 212m de altitude), no período de outubro de 2009 a março de 2010. As linhagens utilizadas pertencem ao Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia. O delineamento experimental foi de blocos completos casualizados (DBC) com três repetições, sendo avaliados 24 linhagens de soja (UFU 501, 502, 503, 504, 505, 506, 507, 508, 509, 510, 511, 512, 513, 514, 515, 516, 518, 519, 520, 521, 522, 523, 524 e 525) de ciclo semitardio/tardio e como padrão comparativo quatro cultivares de soja (BRSMG Garantia, UFUS Impacta, UFUS Imperial e Msoy 8787). Cada parcela foi composta de quatro linhas de 5,0 m de comprimento, espaçadas de 0,45 m, totalizando 9 m². Quando as plantas estavam em estágio R8, procedeu-se a colheita manual, nas duas linhas centrais de cada parcela eliminando-se 0,50 m de cada extremidade da parcela. As plantas colhidas foram trilhadas e os grãos secos até que atingissem 13% de umidade. O peso total obtido foi transformado para produtividade em kg ha⁻¹. Nos resultados de produtividade foi aplicada a análise de variância, sendo os genótipos agrupados pelo teste de Scott Knott, ao nível de 0,05 de significância. Utilizou-se o programa computacional Genes. **Resultados e Discussão:** O desempenho produtivo das linhagens de soja de ciclo semitardio/tardio foi influenciado pelos locais de cultivo. De maneira geral, as médias mostraram que os genótipos apresentaram maior desempenho produtivo em Bom Jesus-PI, exceto as linhagens UFU 501 e 525 e as testemunhas Garantia e Msoy 8787, que foram mais produtivas quando semeadas em Balsas (MA). Observou-se que o genótipo UFU 501 obteve maior performance nos quatro locais estudados (Formoso do Rio Preto, Chapadinha, Porto

Nacional e Balsas), enquanto que os genótipos UFU 505, UFU 521, Garantia e MSOY 8787 foram superiores em três locais (Chapadinha, Porto Nacional e Balsas). Como pôde ser observado nos resultados, o desempenho de um genótipo em um local pode não ser o mesmo observado em local diferente, devido à interação genótipos x locais. Dessa forma, os ensaios regionais são fundamentais nos programas de melhoramento de soja, pois permitem identificar cultivares específicas mais adaptadas a ambientes particulares e que, conseqüentemente, apresentem maior desempenho produtivo. **Conclusão:** Os genótipos de ciclo semitardio/tardio que apresentaram maior desempenho produtivo foram UFU 501, UFU 505, UFU 521, Garantia e MSOY 8787.

Palavras-chave: melhoramento genético; *Glycine max*; produtividade de soja.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais - FAPEMIG.

DISSIMILARIDADE GENÉTICA EM SOJA BASEADA EM CARACTERES FENOTÍPICOS DA SEMENTE

Mônica Neli Alves^{1,3}, Ana Paula Oliveira Nogueira^{1,3}, Larissa Barbosa de Sousa^{2,3}, Osvaldo Toshiyuki Hamawaki^{2,3}, Raphael Henrique Oliveira da Silva^{1,3}, Raphael Lemes Hamawaki^{2,3}, Paulo Henrique Nardon Felici^{2,3}

¹Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Brasil.

²Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, Brasil.

³Programa Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia, Brasil.

E-mail do 1º autor: monicanelialves@gmail.com

Introdução: A demanda global por áreas cultivadas com cultivares de soja (*Glycine max*) tem ganhado grande importância devido a sua ampla utilização na alimentação humana e animal, e por ser relevante na economia internacional e nacional. No mercado mundial, o Brasil tem desenvolvido programas de pesquisas que visam à produção de cultivares cada vez mais produtivas e adaptadas as diferentes condições edafoclimáticas. O uso extensivo de uma ou mais cultivares estreitamente relacionadas tem levado a perda da diversidade genética. Além disso, estudos de variabilidade genética têm demonstrado que o germoplasma brasileiro tem base genética estreita, tendo originado de poucos ancestrais, o que prejudica a existência de medidas de proteção contra problemas como pragas ou doenças. Em um programa de melhoramento, os genitores que são selecionados para constituir o bloco de cruzamentos para posterior obtenção de populações segregantes, devem expressar maior dissimilaridade genética para os caracteres de interesse, pois assim irão proporcionar maior possibilidade de recuperar constituições genéticas superiores. Neste sentido, estudos de diversidade genética são essenciais em um programa de melhoramento genético, com intuito de estabelecer critérios de seleção de genitores. Assim, objetivou-se neste trabalho determinar a dissimilaridade genética entre sete cultivares de soja, com base em caracteres fenotípicos da semente e avaliar a contribuição relativa dos caracteres da semente para a diversidade genética da soja.

Metodologia: Avaliaram-se 7 cultivares de soja (UFUS-Guará, UFUS-Vila Rica, UFUS-Carajás, UFUS-Tapajós, UFUS-Xavante, UFUS-Impacta e UFUS-Milionária) quanto aos caracteres fenotípicos quantitativos e multicategóricos da semente. Com auxílio de um paquímetro digital avaliaram-se o comprimento (C), a largura (L) e a profundidade (P) da semente e o comprimento do hilo. Posteriormente foram determinados os índices dado pela razão C e L; razão entre C e P; e razão entre P e L. Por análise visual determinaram-se a cor do hilo e o brilho do tegumento da semente. Utilizando o Programa GENES, procedeu-se o cálculo da distância genética utilizando a distância Euclidiana para os dados quantitativos e o índice de dissimilaridade para os dados multicategóricos. Posteriormente, ambas as matrizes de distância genética foram somadas e, em seguida, procedeu-se ao agrupamento de otimização de Tocher e o método hierárquico da ligação média intragrupo (UPGMA). **Resultados e Discussão:** A existência de variabilidade genética para todos os caracteres fenotípicos estudados permitiu identificar as cultivares mais dissimilares. As distâncias genéticas entre as cultivares oscilaram de 2,25 a 6,80. Um corte significativo em 70% de dissimilaridade no dendrograma UPGMA permitiu separar as cultivares de soja em quatro grupos, ao passo que o

método de Tocher resultou em três grupos. Os agrupamentos de Tocher e UPGMA classificaram como constituintes de um único grupo e, que, portanto possuíam maior similaridade genética as cultivares UFUS-Xavante, UFUS-Impacta e UFUS-Tapajós. Um segundo grupo foi constituído pelas cultivares UFUS-Guará e UFUS-Carajás. Já as cultivares UFUS-Vila Rica e UFUS-Milionária constituíram grupos isolados pelo agrupamento de Tocher e pelo método UPGMA. O caráter comprimento da semente contribui em 49,10% para a dissimilaridade genética em soja. **Conclusões:** Concluiu-se que caracteres fenotípicos da semente são úteis em estudos de diversidade genética da soja, sendo as cultivares UFUS Carajás e UFUS Vila Rica as mais dissimilares e que o comprimento da semente promoveu maior contribuição para diversidade genética da soja.

Palavras-chave: *Glycine max*, Variabilidade, Melhoramento Genético.

Agradecimentos: FAPEMIG, CAPES/CNPq.

DIVERGÊNCIA GENÉTICA COMO CRITÉRIO DE SELEÇÃO DE GENITORES EM SOJA

Fábio Serafim Marques¹, Ana Paula Oliveira Nogueira², Larissa Barbosa de Sousa¹, Osvaldo Toshiyuki Hamawaki¹, Rafael Lemes Hamawaki¹, Renato Gomes de Souza¹.

¹Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

E-mail do 1º autor: fabioari_sm@hotmail.com

Introdução: Os programas de melhoramento genético de soja destacam-se pela busca incessante de genótipos que apresentem alto potencial produtivo, adaptados a diferentes ambientes e resistentes a doenças, como a ferrugem asiática (*Phakopsora pachyrhizi*). Entretanto, o ganho genético no desenvolvimento de genótipos superiores e estáveis são desafiadores, em virtude da similaridade genética de muitos materiais. Desta forma, o estudo da diversidade genética e sua utilização por meio de caracteres fenotípicos representa uma técnica auxiliar de grande importância nos programas de melhoramento genético, pois fornece informações úteis na utilização dos recursos genéticos disponíveis e auxilia na escolha de genitores para constituir blocos de cruzamentos. Dentre as metodologias para estudos de divergência genética destaca-se os métodos de agrupamento que utilizam a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade. Os métodos hierárquicos e os de otimização são empregados em grande escala pelos melhoristas de plantas. Os objetivos do trabalho foram avaliar diversidade genética entre genótipos de soja com base em caracteres fenotípicos, determinar a importância dos caracteres fenotípicos para dissimilaridade genética em soja e indicar genitores para combinações mais promissoras para produzir populações segregantes em programa de melhoramento de soja com ênfase a resistência a ferrugem asiática.

Metodologia: O experimento foi conduzido na Fazenda Capim Branco, Uberlândia - MG. Os tratamentos foram constituídos por 15 genótipos de soja, tendo 3 testemunhas (BRS 7560, MSOY 6101 e TMG 801). O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com quatro repetições. As parcelas foram compostas de 4 linhas de plantas de soja com 5 metros de comprimento, com espaçamento na entrelinha de 0,50 metros. As avaliações ocorreram no estágio de florescimento e maturidade da soja, analisando os seguintes caracteres agrônômicos: número de dias para o florescimento (NDF); número de dias para a maturidade (NDM); altura de planta no florescimento (APF); altura de planta na maturidade (APM); altura da inserção da 1ª vagem (AIPV); número de nós na haste principal no florescimento (NNF); número de nós na haste principal na maturidade (NNM). A distância genética entre todos os pares de genótipos foi estimada por meio da distância generalizada de Mahalanobis. Foram aplicados o método de agrupamento aglomerativo UPGMA (Unweighted Pair Group Method using Arithmetic Averages) e o método de Tocher, com auxílio do programa computacional Genes.

Resultados e discussão: Com base na distância generalizada de Mahalanobis, verificou-se que a maior e menor dissimilaridade genética ocorreu entre os pares genótipos UFUS 27 e BRS 7560; UFUS 26 e UFUS L24, onde as distâncias foram de 255,96 e 4,23, respectivamente. No método de Tocher ocorreu o agrupamento dos genótipos de soja em quatro grupos distintos. Quando adotado o método hierárquico de agrupamento da distância

média (UPGMA), verificou-se a formação de cinco grupos. Nas duas metodologias, observou-se que a linhagem UFUS 27 formou um grupo unitário, indicando ser o genótipo mais divergente dos demais. Ainda, os métodos UPGMA e Tocher apresentaram 73% de semelhança no padrão de agrupamentos dos genótipos de soja. Constatou-se que o número de dias para florescimento e maturidade foram os caracteres agrônômicos que mais contribuíram para a diversidade genética dos genótipos de soja, com 27% e 32,44%, respectivamente. Pelos agrupamento foi possível identificar genitores divergentes úteis para hibridações para formação de populações segregantes. **Conclusões:** O número de dias para o florescimento e maturidade foram os caracteres que mais contribuíram para a dissimilaridade genética entre genótipos de soja. As hibridações BRS7560 x UFUS27; BRS7560 X UFUS139; TMG801 X UFUS27 e TMG801 X UFUS Riqueza são promissoras para obtenção de populações segregantes com variabilidade superior.

Palavras-chave: *Glycine max*. Variabilidade. Melhoramento Genético.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG).

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE 22 GENÓTIPOS DE ALGODOEIRO BRANCO POR MEIO DE ANÁLISE MULTIVARIADA

Elvécio Gomes da Silva Júnior¹, Lucas Lauer Monti², Daniel Bonifácio Oliveira Cardoso¹, Larissa Barbosa de Sousa¹, Julio César Viglioni Penna¹, Kian Eghrari Moraes¹, Lucas Martus¹, Ivan Martus¹.

¹Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG

E-mail do 1º autor: egsilvajunior@gmail.com

Introdução: O grande desafio do melhoramento genético do algodoeiro é o desenvolvimento de cultivares que manifestem todas as características em níveis ótimos, o que se busca por meio de ganhos genéticos contínuos. Nesse aspecto, a análise de divergência genética se destina à identificação de genitores adequados, visando a obtenção de híbridos com maior efeito heterótico, para a síntese de populações segregantes. Objetivou-se, neste trabalho, avaliar a divergência genética entre 22 genótipos de algodoeiro de fibra branca, utilizando a produtividade de algodão em caroço, rendimento e características tecnológicas da fibra, a fim de possibilitar a escolha de genitores que, a partir de hibridações, viabilizem a formação de populações segregantes com desempenho superior à obtenção de novas cultivares. **Metodologia:** Foram avaliados 22 genótipos de algodoeiro derivados de cruzamentos biparentais. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados (DBC) com três repetições e parcela experimental composta de quatro linhas de cinco metros espaçadas de um metro. Os caracteres avaliados foram rendimento de pluma (RP) (%), produtividade de algodão em caroço (PROD) (kg ha^{-1}), obtidos com base na colheita e pesagem dos capulhos e pluma da área útil da parcela e as características tecnológicas da fibra foram determinadas no aparelho HVI (*High Volume Instrument*): índice micronaire (IM), maturidade da fibra (MF), comprimento da fibra (UHM) (mm), uniformidade de comprimento (UC) (%), índice de fibras curtas (IFC) (%), resistência (RES) (gf/tex) e alongamento (ALONG). A diversidade genética entre os genótipos foi avaliada pelos métodos UPGMA, Vizinheiro mais próximo e agrupamento de Tocher, e as medidas de dissimilaridade foram determinadas pela distância de Mahalanobis. Todas as análises foram realizadas com o Programa Genes (Aplicativo computacional em genética e estatística). **Resultados e discussão:** Pelos dendrogramas obtidos pelos métodos UPGMA e vizinho mais próximo ao realizar um corte a 42,5% e 26% de dissimilaridade, respectivamente, porcentagens significativas pelo teste de Mojema, os genótipos foram distribuídos em três grupos. O coeficiente de correlação cofenética foi de 0,88 para o método UPGMA e de 0,99 para o vizinho mais próximo, indicando que a representação gráfica para cada método está de acordo com as dissimilaridades entre os pares de genótipos. Com relação ao agrupamento pelo método de Tocher, fundamentado na matriz de dissimilaridade expressa pelas distâncias de Mahalanobis (D^2), ocorreu a distribuição dos genótipos em dois grupos, um a menos que os outros dois métodos. **Conclusões:** Os caracteres produtividade de algodão em caroço, rendimento de pluma e características tecnológicas da fibra são eficientes no estudo de diversidade genética de algodoeiro de fibra branca. O uso desses caracteres permitiu detectar significativa variabilidade genética entre os genótipos de algodoeiro. Hibridações

entre os genótipos 17 e 20 são promissoras para obtenção de populações segregantes com variabilidade genética superior.

Palavras-chave: divergência genética, multivariada, *Gossypium hirsutum*.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais - FAPEMIG.

DIVERSIDADE GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE SOJA IDENTIFICADA POR MARCADORES SSR

Ana Carolina Cordeiro Dias,¹ Larissa Barbosa de Sousa,² Osvaldo Toshiyuki Hamawaki², Ana Paula Oliveira Nogueira¹, Suelen Martins de Oliveira², Valécia Martins de Oliveira², Raphael Lemes Hamawaki².

¹Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Instituto de Agronomia, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

E-mail do 1º autor: anacarol_bio@yahoo.com.br

Introdução: O Brasil é o segundo maior produtor mundial de soja, *Glycine max* (L.) Merrill, e esta leguminosa ocupa lugar de destaque na pauta de exportação. O bom desempenho da cultura deve-se principalmente à grande quantidade de cultivares melhoradas existentes e adaptadas a todas as regiões do país. O conhecimento da diversidade genética e a relação entre cultivares melhoradas são de grande importância para o melhoramento das culturas. A diversidade genética assegura medidas de proteção contra problemas futuros, como pragas ou doenças e fornece uma base para ganhos genéticos. O objetivo deste trabalho foi avaliar a variabilidade genética de genótipos de soja, com um conjunto de marcadores microssatélites selecionados na literatura, para utilizar como base de informação em novos cruzamentos. **Metodologia:** Os marcadores microssatélites utilizados no estudo foram selecionados tomando-se por base artigos de diversidade genética, priorizando-se os mais polimórficos e, também, a distribuição em diferentes grupos de ligação e cromossomos da soja, sendo as sequências obtidas pelo site <http://soybase.com>. Os marcadores microssatélites utilizados foram: Satt 317, Satt 436, Satt 233, Satt 191, Satt 197, Satt 487, Satt 180, Satt 309 e Satt 178. O DNA foi extraído pelo método CTAB modificado, a partir de material foliar de 35 linhagens de soja. Os produtos de PCR foram visualizados em gel de agarose corado com brometo de etídeo. Com os dados obtidos da análise molecular, obteve-se o conteúdo de informação polimórfica (PIC) de cada loco microssatélite e este foi avaliado por meio da frequência de alelos. A distância genética entre os pares de genótipos foi estimada utilizando o complemento do índice ponderado pelo número de alelos como medida de dissimilaridade. Todas as análises foram realizadas utilizando o Programa Computacional em Genética e Estatística (GENES). **Resultados e Discussão:** Nove marcadores amplificaram 26 alelos, oscilando entre dois e quatro alelos por loco, com média de 2,88. O microssatélite (Satt 233), (Satt 317, Satt 436, Satt 191, Satt 487, Satt 180, Satt 309 e Satt 178) e (Satt 197) apresentaram dois, três e quatro alelos, respectivamente. A frequência alélica variou de 0,08 a 0,80 quando foram utilizados os *primers* Satt 178 e Satt 487. O valor de conteúdo de informação polimórfica (PIC), que reflete a frequência e diversidade alélica entre os genótipos estudados, variou entre 0,29 (Satt 178) a 0,66 (Satt 197) com média de 0,44. O cálculo da probabilidade de identidade ao acaso e as probabilidades de exclusão ao acaso indicam se duas amostras possuem ou não o mesmo genótipo. Assim, essas informações permitem que as estratégias de condução dos experimentos de melhoramento de soja sejam conduzidas de maneira a obter sucesso com a seleção de novas variedades. **Conclusões:** Nove marcadores amplificaram 26 alelos. O maior valor obtido de PIC foi de 0,66 para o *primer* Satt 197. Há diversidade genética entre os genótipos analisados.

Palavras-chave: *Glycine max*, conteúdo de informação polimórfica (PIC), variabilidade genética.

Agradecimentos: Universidade Federal de Uberlândia- UFU, Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais- FAPEMIG, Coordenação de Aperfeiçoamento Pessoal de Nível Superior- CAPES.

DIVERSIDADE GENÉTICA NA CULTURA DA SOJA COM USO DE CARACTERES AGRONÔMICOS

Enderson Janey de Oliveira Soares^{1,2,4}, Osvaldo Toshiyuki Hamawaki^{2,3,4}, Ana Paula Oliveira Nogueira^{2,4,5}, Larissa Barbosa de Sousa, Paulo Henrique Nardon Felici^{3,4}, Leandro Yoshiaki Muraoka^{3,4}, Valécia Martins de Oliveira^{4,5}.

¹Instituto de Biologia, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

³Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

⁴Programa Melhoramento Genético de Soja, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

⁵Programa Melhoramento Genético de Algodão, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

E-mail do 1º autor: agrobio@outlook.com

Introdução: A soja (*Glycine max* L. Merrill) é uma leguminosa originária da China que hoje é amplamente cultivada no Brasil e cada safra agrícola aumenta sua produção. O estabelecimento e ampla adaptação da soja brasileira, se deve ao melhoramento genético, que desenvolve novas cultivares, com alto desempenho produtivo e tolerantes aos fatores bióticos e abióticos. Nesse sentido, para assegurar o contínuo ganho de seleção é necessário a existência de variabilidade genética. Esta, por sua vez, pode ser criada e ampliada por meio da seleção de genitores divergentes. **Objetivos:** Avaliar a dissimilaridade genética e agrupar linhagens de soja, para fins de estabelecimento de orientação de melhoristas na seleção de genitores. **Metodologia:** Avaliaram-se 15 genótipos de soja, sendo 14 linhagens e uma cultivar comercial do Programa de Melhoramento da Universidade Federal de Uberlândia (UFU Guará) como testemunha. Adotou-se o delineamento de blocos completos casualizados com 3 repetições. As parcelas experimentais foram constituídas por 5 linhas de plantas de soja, com 5 metros de comprimento com espaçamento de 0,5 tudo. Avaliaram-se os caracteres agronômicos: número de dias para o florescimento, número de dias para maturidade, altura planta no florescimento, altura planta na maturidade, altura de inserção de primeira vagem, número de nós na haste principal, número total de vagens e produtividade de grãos. As análises estatísticas foram realizadas no Programa Genes. **Resultados e Discussão:** Pela distância genética, estimada por Mahalanobis, verificou-se que oscilou de 1,73 a 104,27, indicando assim, ampla divergência genética, com a possibilidade de selecionar genitores contrastantes para constituir blocos de cruzamentos futuros, no programa de melhoramento de soja da UFU. O agrupamento do Tocher dividiu os genótipos em 15 grupos. Utilizando de representação gráfica adotando as duas primeiras variáveis canônicas, verificou-se que onde os genótipos foram separados em 4 grupos, concordando com o método de agrupamento de Tocher. **Conclusões:** Foi possível concluir que o cruzamento de genótipos pertencentes a grupos distintos e que apresentem concomitante alto desempenho produtivo permitem hibridações que maximizam a variabilidade genética.

Palavras-chave: *Glycine max*, melhoramento, hibridações.

EFICIÊNCIA FOTOSSINTÉTICA EM DIFERENTES CULTIVARES DE SOJA

Paulo Henrique Nardon Felici¹, Valécia Martins de Oliveira¹, Ana Paula de Oliveira², Ana Paula Oliveira Nogueira³, Larissa Barbosa de Sousa¹, Osvaldo Toshiyuki Hamawaki¹.

¹Instituto de Ciências Agrárias e Ambientais, Universidade Federal de Uberlândia UFU, Uberlândia, MG.

²Instituto de Ciências Biológicas e da Saúde, Universidade Federal de Viçosa – UFV, Rio Paranaíba, MG.

³Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia - UFU, Uberlândia, MG.

E-mail do 1º autor: paulo.felici@hotmail.com

Introdução: As leguminosas, como a soja, devem se adaptar morfológica e fisiologicamente às diversas condições ambientais para determinar a sua competitividade e produtividade. A disponibilidade de radiação solar é um dos fatores que mais limitam o crescimento e desenvolvimento das plantas. Toda energia necessária para a realização da fotossíntese, processo que transforma o CO₂ atmosférico em energia metabólica, é proveniente da radiação solar. O objetivo deste trabalho foi avaliar a eficiência fotossintética de cultivares de soja provenientes do programa de melhoramento genético da Universidade Federal de Uberlândia. **Metodologia:** O experimento foi conduzido em condições de casa de vegetação localizada na Fazenda Capim Branco da UFU, cujas coordenadas são 18°52'51.85"S 48°20'34.71"O e 808 metros de altitude. Os tratamentos foram constituídos de sete cultivares de soja: UFUS Guarani, UFUS Milionária, UFUS Tupi, UFUS Vila Rica, UFUS Impacta, UFUS 107 e UFUS Carajás, dispostos em delineamento de blocos completos casualizados, com três repetições. A semeadura manual foi realizada no dia 27 de abril de 2013, com densidade de três sementes por vaso, os quais foram desbastados posteriormente a emergência, permanecendo apenas uma plântula por vaso. As plantas se desenvolveram por 50 dias após a emergência, quando então foram realizadas as medições, durante a fase de florescimento das plantas (R1 e R2), em um dos folíolos da primeira folha trifoliolada completamente desenvolvida do terço superior da planta a partir do ápice. Cada bloco foi avaliado na data de 22 de junho de 2013, entre 8 às 9 horas, 10 às 11 horas, 13 às 14 horas e 15 às 16 horas, de forma a manter as condições ambientais homogêneas durante a avaliação de cada bloco. A temperatura média e a umidade relativa externas no momento das avaliações foram de 22,2°C e 57,5% (8 às 9 h), 29,4°C e 45% (10 às 11 h), 33,6°C e 32% (13 às 14 h), 34,2°C e 30% (15 às 16 h). Para as medições foi utilizado um analisador de gases no infravermelho (IRGA), marca L.MAN, modelo LCPro-SD (ADC BioScientific Ltd., Great Amwell, UK), para obtenção da taxa fotossíntese de assimilação de CO₂ (A), condutância estomática (gs), taxa de transpiração (E), concentração interna de CO₂ (Ci), temperatura da folha (Tleaf) e PAR no plano da folha (Qleaf). Foram calculadas as seguintes relações: A/E (eficiência instantânea do uso de água), A/gs (eficiência intrínseca do uso de água) e A/Ci (eficiência instantânea de carboxilação). Foram realizadas análises de variâncias e teste Tukey (P<0,005) com auxílio do software Sisvar. **Resultados e Discussão:** Em todas as medidas realizadas as cultivares não apresentaram diferença estatística entre si, já os períodos de coleta de dados diferiram, sendo apresentado maior A, E, gs, Tleaf, Qleaf, A/E, A/gs e A/Ci de 10 às 11 h e de 13 às 14 h. Importante frisar que no período de floração as plantas apresentam elevada atividade fisiológica, onde os órgãos

reprodutivos são considerados o principal dreno. A C_i foi maior na primeira coleta de dados (8 às 9 h) quando comparada as outras três coletas, pois em uma situação onde a taxa fotossintética (A) é considerada maior a concentração interna de CO_2 (C_i) tende a ser menor, existindo uma relação inversamente proporcional entre C_i e A . **Conclusões:** Em condições ambientais controladas, as cultivares mostraram capacidades fotossintéticas iguais entre si, não sendo possível diferenciá-las por esta variável. O horário ótimo para coleta de dados ocorreu entre 10h e 14h, dessa forma em experimentos futuros não há necessidade de realizar medição no primeiro e último horário.

Palavras-chave: trocas gasosas, variabilidade genética, *Glycine max*.

IMPORTÂNCIA RELATIVA DE CARACTERES AGRONÔMICOS E CARACTERÍSTICAS TECNOLÓGICAS DA FIBRA EM ESTUDOS DE DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE ALGODOEIRO

Lucas Lauer Monti¹, Letícia Marcório², Larissa Barbosa de Sousa², Julio César Viglioni Penna², Kian Eghrari Moraes², Lucas Martus², Ivan Martus², Anicézio Resende³

¹Instituto de Genética e Bioquímica. Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG

²Instituto de Ciências Agrárias. Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG

³Minas Contton.

E-mail do 1º autor: lucas@biotec.ufu.br

Introdução: A diversidade genética é um fator essencial para obter efeitos heteróticos e ganhos genéticos. Estudos de diversidade genética são importantes ferramentas para identificação das melhores combinações híbridas em programas de melhoramento. Uma análise importante para os programas de melhoramento genético é a importância relativa dos caracteres na quantificação da diversidade genética entre genótipos possibilitando o descarte daquelas de menor contribuição em estudos posteriores. O objetivo deste trabalho foi de determinar a contribuição relativa da produtividade de algodão em caroço, rendimento de fibra e características tecnológicas da fibra para estudos de diversidade genética do algodoeiro. **Metodologia:** O experimento foi conduzido no município na fazenda Capim Branco, pertencente a Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia-MG, na safra 2012/2013. Avaliou-se 22 genótipos de algodoeiro de fibra branca em delineamento experimental de blocos completos casualizados (DBC) com três repetições. A parcela experimental constituiu-se de quatro linhas de cinco metros espaçadas de um metro. Considerou-se como área útil as duas linhas centrais. Os caracteres avaliados foram rendimento de pluma (RP) (%), produtividade de algodão em caroço (PROD) (kg ha⁻¹), obtidos com base na colheita e pesagem dos capulhos e pluma da área útil da parcela e as características tecnológicas da fibra foram determinadas no aparelho HVI (*High Volume Instrument*): índice micronaire (IM), maturidade da fibra (MF), comprimento da fibra (UHM) (mm), uniformidade de comprimento (UC) (%), índice de fibras curtas (IFC) (%), resistência (RES) (gf/tex) e alongamento (ALONG). Foi determinada a contribuição relativa dos caracteres para quantificação da diversidade genética entre genótipos pela Metodologia de Sing (1981). As análises estatísticas foram realizadas com o Programa Genes. **Resultados e Discussão:** O caráter que mais contribuiu para explicar a diversidade genética entre genótipos de algodoeiro de fibra branca foi o índice de fibras curtas (IFC) com 40,10%, seguido dos caracteres rendimento de pluma (RDP) e uniformidade de comprimento (UC), com 13,17% e 11,49% respectivamente. A produtividade de algodão em caroço (PROD) (3,19%) foi o caráter que menos contribuiu para a diversidade genética, por ser um caráter governado por muitos genes e muito influenciado pelo ambiente no geral não há correspondência entre as avaliações, mas apesar da sua baixa contribuição em estudos de diversidade genética, a produtividade de algodão em caroço é um dos principais caracteres utilizados em programas de melhoramento genético na seleção de genótipos superiores. Os demais caracteres apresentaram baixa contribuição, demonstrando pequena importância nos estudos de diversidade genética do algodoeiro de fibra branca. **Conclusões:** Índice de fibras curtas e rendimento de pluma foram os caracteres que mais contribuíram para a diversidade

genética entre genótipos de algodoeiro de fibra branca.

Palavras-chave: variabilidade entre genótipos, *Gossypium hirsutum*, melhoramento genético.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais - FAPEMIG.

MEDIDA DE DISSIMILARIDADE GENÉTICA DE MAHALANOLIS ENTRE GENÓTIPOS DE SOJA E CONTRIBUIÇÃO RELATIVA DOS CARACTERES

Oswaldo Toshiyuki Hamawaki¹, Suelen Martins de Oliveira¹, Larissa Barbosa de Sousa¹, Luciana Alves de Sousa¹, Ana Paula Oliveira Nogueira², Valécia Martins de Oliveira³, Monique Lais Santos², Cristiane Lemes Hamawaki⁴

¹Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG

³Universidade Estadual de Goiás, Campus Palmeiras, GO.

⁴Universidade Presidente Antônio Carlos, Uberlândia, MG.

E-mail do 1º autor: hamawaki@umuarama.ufu.br

Introdução: A soja é uma cultura de destaque no cenário agrícola brasileiro. O aumento na produtividade do grão e a expansão das fronteiras agrícolas são resultado da obtenção de novos cultivares cada vez mais produtivos e adaptados a diferentes regiões do país. Os Programas de Melhoramento Genético de Soja têm papel essencial no desenvolvimento de genótipos com produtividades superiores aos materiais já conhecidos. Assim, as análises multivariadas são as mais indicadas nos estudos da dissimilaridade genética. Para quantificar as medidas de dissimilaridade são consideradas as diferenças morfológicas, fisiológicas e produtivas dos genótipos com base em distâncias genéticas, tais como a distância generalizada de Mahalanobis (D^2). Assim, o objetivo deste trabalho foi identificar a dissimilaridade entre os genótipos de soja e indicar a contribuição relativa dos caracteres agrônômicos nessa dissimilaridade. **Metodologia:** O experimento foi conduzido no município de Ituverava-SP, georeferenciado em 47° 47' W e 20° 20' S, altitude de 631 m, em Latossolo Vermelho-Amarelo. O delineamento experimental foi o de blocos completos casualizados com 3 repetições e 22 genótipos do Programa de Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Uberlândia. Cada parcela foi constituída de 4 linhas de plantas de soja de 5 m de comprimento, espaçadas de 0,5 m entre si. Os caracteres avaliados foram o número de dias para floração, número de dias para maturação, altura de planta na floração, altura de planta na maturação, altura de inserção da primeira vagem e produtividade de grãos. Com base nas médias dos caracteres avaliados, a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) foi utilizada como medida de dissimilaridade entre os pares de linhagens. A contribuição relativa de cada caractere avaliado foi determinada pelo método de Singh. **Resultados e Discussão:** A medida de dissimilaridade deve garantir ao melhorista segurança na seleção de genitores para os cruzamentos. A amplitude das distâncias entre os genótipos estudados indica a existência de dissimilaridade entre eles. A amplitude das distâncias entre os genótipos indica a existência de dissimilaridade. A distância mínima ocorreu entre UFU 8 e UFU 15 ($D^2 = 0,000113$) e a máxima entre UFU 17 e UFUS Emgopa 316 ($D^2 = 25,00$) sendo portanto as linhagens mais divergentes. A avaliação da contribuição relativa dos caracteres indicou que a produtividade de grãos é a característica de maior expressividade para a divergência genética com 19,37%. Por outro lado, o número de dias para o florescimento, com 12,08%, foi o caractere que menos contribuiu. A produtividade de grãos é de fundamental importância no melhoramento, uma vez que a escolha de genitores com maior produtividade pode resultar em linhagens de elevado potencial produtivo. **Conclusões:** Existe dissimilaridade genética entre os genótipos estudados e o

caractere que teve maior expressividade para essa divergência é a produtividade de grãos, devendo por isso ser priorizado na escolha de progenitores em programas de melhoramento genético de soja.

Palavras-chave: *Glycine max*; caracteres agronômicos; distância genética.

MÉTODOS AGLOMERATIVOS NO ESTUDO DE DIVERSIDADE GENÉTICA DA SOJA

Monique Lais Santos^{1,3}, Osvaldo Toshiyuki Hamawaki^{2,3}, Ana Paula Oliveira Nogueira^{1,3}, Larissa Barbosa de Sousa^{2,3,4}, Francisco de Alcântara Neto⁴, Paulo Henrique Nardon Felici^{2,3}, Leonardo Humberto Silva e Castro^{2,3}, Fernanda Mundim^{2,3}.

¹Instituto de Genética e Bioquímica. Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Instituto de Ciências Agrárias. Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

³Programa Melhoramento Genético de Soja. Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

⁴Programa Melhoramento Genético de Algodão. Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

E-mail do 1º autor: monique_mls@hotmail.com

Introdução: A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é originária das regiões temperadas da China, possuindo ampla adaptação aos climas subtropicais e tropicais. É considerada uma das mais importantes leguminosas em função do grande interesse econômico decorrente dos elevados teores de proteína (40%) e óleo (20%) dos grãos e da produtividade da cultura. O desenvolvimento de material genético apropriado para as diversas áreas produtoras no país tem sido um dos fatores responsáveis pelo progresso da soja. O desenvolvimento de cultivares é feito, principalmente, a partir da hibridação entre um grupo de genótipos elites, geneticamente divergentes. O melhor conhecimento da diversidade genética é valioso para a utilização, conservação e gerenciamento dos recursos genéticos. Estudos sobre diversidade genética têm sido empregados para identificar combinações híbridas superiores aos progenitores, bem como avaliar a evolução de plantas, identificar conjunto gênico mais amplo e a viabilidade de cruzamentos. Para avaliar a diversidade entre indivíduos, as características fenotípicas têm sido utilizadas em técnicas biométricas multivariadas. O presente trabalho teve como objetivo avaliar a diversidade genética em soja de ciclo precoce. **Metodologia:** O experimento foi conduzido numa área experimental no município de Monte Alegre-PI na safra 2012/2013. Os tratamentos foram constituídos por 13 linhagens de soja de ciclo precoce, sendo, duas cultivares: UFUS Carajás e UFUS Tikuna e onze linhagens desenvolvidas pelo Programa de Melhoramento de soja da Universidade Federal de Uberlândia. O delineamento experimental empregado foi o de blocos completos casualizados, com três repetições. As parcelas foram constituídas por quatro fileiras de planta de soja com 5,0 m de comprimento e espaçadas de 0,50 m entre si. A área útil de cada parcela foi de 4,0 m², consistindo de duas linhas centrais, desprezando-se, como bordadura, 0,50 m nas extremidades e as duas linhas laterais. Na área útil de cada parcela, amostrando-se aleatoriamente cinco plantas, foi determinado o número de dias para o florescimento e maturidade, a altura de planta no florescimento e maturidade, número de nós na haste principal, altura de inserção de primeira vagem, número de vagens, o índice dado entre a razão entre a altura de planta no florescimento e maturidade, que determina o tipo de crescimento e em toda área útil da parcela, a produtividade de grãos. Utilizando-se todos os caracteres quantitativos foi determinado a medida de distância genética pela dissimilaridade de Mahalanobis. Foram aplicados os métodos de agrupamento do vizinho mais distante e o de ligação media entre grupos (UPGMA). As análises estatísticas foram realizadas no programa Genes. **Resultados e Discussão:** A correlação cofenética do método vizinho distante e UPGMA foram respectivamente de 0,64 e 0,65, significativa

ao nível de 1% de probabilidade pelo teste t. Quanto à divergência genética apresentada pelo método de agrupamento UPGMA ao realizar um corte em torno de 60% de distância notou-se uma divisão dos genótipos em três grupos, sendo o grupo I formado pelas linhagens: UFUS Tikuna, UFUS13, UFUS3, UFUS5, UFUS Carajás, UFUS2, UFUS4, UFUS9, e o grupo II pela linhagem UFUS10 e o grupo III pelas linhagens: UFUS7, UFUS8, UFUS11, UFUS12. O agrupamento dos genótipos pelo método vizinho mais distante promoveu agrupamento similar ao método UPGMA quanto à formação de grupos entre genótipos mais divergentes, com exceção da linhagem UFUS 10 aonde ela fez parte do grupo II. Pelo padrão de agrupamento, pode-se indicar a seleção de genitores divergentes, pelo cruzamento entre genótipos pertencente a grupos distintos. **Conclusão:** As linhagens estudadas apresentaram variabilidade genética, onde o cruzamento entre as linhagens do grupo I com as do grupo II é promissor para incremento de divergência genética, e a linhagem UFUS 10 de acordo com o método UPGMA é a mais divergente em relação às linhagens avaliadas.

Palavras-chave: *Glycine max.* diversidade genética, linhagens.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais- FAPEMIG.

VARIABILIDADE FENOTÍPICA EM PROGÊNIES F4 DE SOJA PROVENIENTES DE CRUZAMENTOS BIPARENTAIS

Larissa Barbosa de Sousa¹, Osvaldo Toshiyuki Hamawaki¹, Ana Paula Oliveira Nogueira², Valécia Martins de Oliveira³, Fernanda Neves Romanato¹, Suelen Martins de Oliveira⁴, Raphael Lemes Hamawaki¹

¹Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG

³Universidade Estadual de Goiás, Campus Palmeiras, GO

⁴Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, Monte Carmelo, MG

E-mail do 1º autor: larissa@iciag.ufu.br

Introdução: O melhoramento genético da soja foi uma das principais contribuições que permitiram a expansão da cultura no Brasil. Embora os estudos de divergência genética sejam importantes, as avaliações de campo ainda são necessárias para a fenotipagem e atuam de forma complementar tanto na seleção de genótipos superiores quanto na adoção de estratégias de melhoramento para a introgressão de genes de interesse em cultivares comerciais. Como o conhecimento da variabilidade fenotípica entre os genótipos são fundamentais para o melhoramento de plantas objetivou-se, neste trabalho, avaliar a variabilidade fenotípica de 35 genótipos de soja, com potencial de serem utilizados como genitores em programas de melhoramento genético, por meio de caracteres agrônômicos. **Metodologia:** O trabalho foi conduzido em uma área experimental localizada na Fazenda Capim Branco (18°52'S; 48°20'W e 805m de altitude), pertencente à Universidade Federal de Uberlândia, no município de Uberlândia – MG. Foram avaliadas 35 linhagens de soja em delineamento de blocos completos casualizados com três repetições. A parcela experimental constituiu-se de duas linhas de plantas de soja, com quatro metros de comprimento e espaçadas em 0,5 metros. Os caracteres agrônômicos avaliados foram: altura da planta na floração (APF), altura da planta na maturidade (APM), número de dias para a floração (NDF), número de dias para a maturidade (NDM), altura de inserção da primeira vagem (AIPV), número total de vagens (NTV) e produtividade de grãos (PROD). Os resultados foram submetidos à análise de variância pelo teste F ($P \leq 0,05$) e as médias avaliadas pelo teste de Skott Knott a 5% de probabilidade. **Resultados e Discussão:** Com exceção da AIPV, constatou-se a existência de variabilidade fenotípica em todos os caracteres agrônômicos avaliados (APF, APM, NDF, NDM, NTV e PROD), conforme indicou o teste Scott Knott com a formação de diferentes grupos. O número de grupos gerados oscilou entre um para o caractere AIPV a quatro para o NDM. Para o caractere NTV houve a formação de dois grupos com maior média (84,77) para a progênie G9, seguido da G28 (79,22). A progênie com menor fase vegetativa foi a G31 com 41 dias para o florescimento e o que atrasou para iniciar a fase reprodutiva foi a G3 com 53 dias. Considerando-se a APF e a APM, as maiores alturas foram obtidas pelas progênies G18 (52,40 cm) e G33 (78,20 cm), respectivamente. Esses caracteres têm grande influência no acamamento da planta. A AIPV variou entre 7,20 (G11) a 16,53 cm (G18), porém para a maioria das progênies avaliadas, o resultado obtido ficou próximo da faixa ideal (10 – 15 cm) para colheita mecanizada com o mínimo de perdas pela barra de corte. Quanto ao NDM a progênie mais precoce foi a G11 com 110 dias e a mais tardia a G3 com 139 dias, sendo que a G11 se mostrou superior a G3, uma vez que apresentou precocidade, que é um dos objetivos dos programas de

melhoramento e maior PROD (5608,89 kg ha⁻¹) 23,93% superior a essa. A progênie G22 apresentou o maior rendimento, 5884,44 kg ha⁻¹, 38,41% superior à média obtida de 4251,30 kg ha⁻¹. **Conclusão:** Houve variabilidade fenotípica entre as progênies avaliadas. A progênie G11 foi superior para maioria dos caracteres agrônômicos avaliados.

Palavras-chave: *Glycine max*, seleção de genitores, fenotipagem.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais - FAPEMIG.

VARIABILIDADE GENÉTICA E ANÁLISE DISCRIMINANTE EM CULTIVARES DE SOJA COM CARACTERES FENOTÍPICOS DA FASE VEGETATIVA

Raphael Henrique Oliveira da Silva¹³, Ana Paula Oliveira Nogueira^{13,4}, Larissa Barbosa de Sousa^{23,4}, Osvaldo Toshiyuki Hamawaki^{23,4}, Paulo Henrique Nardon Felici^{2,3}, Mônica Neli Alves¹³, Lucas Lauer Monti¹⁴, Rafael Lemes Hamawaki²³.

¹Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

³Programa Melhoramento Genético de Soja, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

⁴Programa Melhoramento Genético de Algodão, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

E-mail do 1º autor: henriquephael@hotmail.com

Introdução: A soja (*Glycine max* L. Merrill), é uma das espécies produtoras de grãos de maior importância socioeconômica mundial. No Brasil, o melhoramento genético da cultura foi impulsionada a partir de 1997, quando foi sancionada a Lei nº. 9456, que trata da proteção de cultivares. A proteção de uma cultivar, é concedida pelo certificado de proteção, emitido pelo Serviço Nacional de Proteção de Cultivares, desde que seja comprovado a distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade, pelos testes de DHE. Essa diferenciação é feita respeitando uma margem mínima de descritores específicos de cada espécie. Hoje, utiliza-se 37 descritores na diferenciação dos cultivares de soja, contudo, é necessário ampliar a lista dos descritores, dado que os mesmos estão insuficientes para distinguir as cultivares, devido a base genética estreita. A diversidade genética é primordial nos programas de melhoramento genético, e pode ser determinada com uso de caracteres fenotípicos analisado por estatísticas multivariadas. As medidas de dissimilaridade são técnicas usadas nos estudos de divergência genética, seu conhecimento é importante uma vez que propicia reunir informações sobre a semelhança ou diferença entre dois ou mais genótipos. O presente trabalho teve como objetivos, avaliar a existência de variabilidade genética em caracteres fenotípicos em soja da fase vegetativa para fins de distinguibilidade de cultivares e avaliar a distância genética entre cultivares de soja com base em caracteres fenotípicos da fase vegetativa. **Metodologia:** O experimento foi conduzido em uma casa de vegetação localizada na Fazenda Capim Branco (18°52'S; 48°20'W e 805m de altitude), pertencente à Universidade Federal de Uberlândia. Os tratamentos foram constituídos por 12 cultivares de soja (UFUS Milionária, UFUS Carajás, UFUS Riqueza, UFUS Capim Branco, UFUS Guarani, UFUS Impacta, UFUS Xavante, UFUS Vila Rica, UFUS Guará, UFUS Tupi, Msoy 8866 e TMG 803). Adotou-se o delineamento inteiramente casualizado, com três repetições. Cada unidade experimental foi constituída por cinco plantas, cultivadas em vasos de plásticos de 1 dm⁻³ preenchidos com substrato (1/3 matéria orgânica e 2/3 solo). Avaliaram-se comprimento de hipocótilo, comprimento de epicótilo, comprimento e largura folha unifoliolada, coeficiente da largura da folha unifoliolada, comprimento do pecíolo da 1ª folha trifoliolada, comprimento do primeiro internó, comprimento da raque do folíolo terminal da 1ª folha trifoliolada, número de nós e altura de planta. Todas as medidas foram feitas com o auxílio de um paquímetro digital. As análises estatísticas foram realizadas Programa Genes. Para todos os caracteres detectou-se existência de variabilidade genética ao nível

de 1% de probabilidade pelo teste F. **Resultados e Discussão:** Verificaram-se coeficientes de determinação genotípico predominantemente elevados, que oscilaram de 58,21% até 97,07%, nos caracteres comprimento de hipocótilo e comprimento de epicótilo, respectivamente. Pela análise discriminante de Anderson, verificou-se que todos os caracteres quantitativos da fase vegetativa permitiram diferenciar as 12 cultivares de soja, uma vez que a classificação das mesmas foram 100% corretas, evidenciando desta maneira, a utilidade destes caracteres como descritores adicionais de soja. Pela distância generalizada de Mahalanobis (D^2) observaram-se UFUS Riqueza e UFUS Milionária foram as mais próximas geneticamente, com valor de D^2 de 23,23, ao passo que as cultivares mais divergentes geneticamente foram UFUS Guará e M-Soy 8866, com D^2 de 205,66. **Conclusões:** Os caracteres comprimento de hipocótilo, comprimento de epicótilo, comprimento da folha unifoliolada, coeficiente da largura da folha unifoliolada, comprimento do pecíolo da 1ª folha trifoliolada, comprimento do primeiro internó, comprimento da raque do folíolo terminal da 1ª folha trifoliolada, número de nós e altura de planta permitiram diferenciar cultivares de soja, sendo úteis como descritores adicionais e em estudos de diversidade genética.

Palavras-chave: *Glycine max*, descritores e diversidade genética.

Agradecimentos: Os autores agradecem pelo apoio financeiro concedido pela FAPEMIG pela CAPES/CNPq através do programa Jovens Talentos para a Ciência.

ÁREA VII: NANOBIOTECNOLOGIA

AVALIAÇÃO ANTITUMORAL DE COMPLEXOS DE COBRE(II) EM CAMUNDONGOS COM TUMOR DE EHRLICH

Françoise Vasconcelos Botelho¹, Priscila Pereira Silva², Marcelo José Barbosa Silva³, Elene Cristina Pereira-Maia⁴

¹Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

²Instituto de Química - Universidade Federal de Viçosa - Campus Rio Paranaíba;

³Instituto de Ciências Biomédicas, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG.

⁴Instituto de Química, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG.

E-mail do 1º autor: francoisevb@ingeb.ufu.br

Introdução: De acordo com dados levantados pelo Inca (Instituto Nacional de Câncer do Ministério da Saúde) o câncer é a segunda maior causa de morte por doenças no Brasil, perdendo apenas para as doenças cardiovasculares. A mesma estatística é observada em vários países do mundo. Uma das aplicações mais importantes de complexos metálicos na clínica médica é no tratamento do câncer. O complexo cis-diamindicloroplatina(II), conhecido como cisplatina, é largamente utilizado no tratamento de diversos tipos de câncer como o testicular, ovariano e carcinoma pulmonar. Além dos efeitos colaterais, como nefrotoxicidade e incompatibilidade clínica com outras drogas, simultaneamente usadas na poliquimioterapia, o aparecimento da resistência celular à cisplatina são considerados como inconvenientes do uso de tal medicamento. Este quadro nos coloca um grande desafio que é o desenvolvimento de novos agentes antitumorais. Os objetivos do trabalho foram avaliar *in vitro* e *in vivo* o potencial antitumoral de dois complexos metálicos de cobre(II): $[\text{Cu}(\text{dox})(\text{phen})]^{2+}$ e $[\text{Cu}(\text{phen})_2]^{2+}$, onde dox = doxiciclina e phen = 1,10-fenantrolina. **Metodologia:** Para os experimentos *in vitro* utilizamos 1×10^6 células do carcinoma ascítico de Ehrlich, com diferentes concentrações dos complexos, para determinação da IC50. Para os experimentos com modelo animal do tumor ascítico de Ehrlich, utilizamos o camundongo Balb-C com 5 semanas de idade. O experimento consistiu da inoculação intraperitoneal (i.p.) de 1×10^5 células do tumor de Ehrlich nos camundongos. No dia seguinte ao inóculo, iniciamos o tratamento com PBS (controle) e os complexos $[\text{Cu}(\text{dox})(\text{phen})]^{2+}$ 8mg/kg de massa corporal; $[\text{Cu}(\text{dox})(\text{phen})]^{2+}$ 1mg/kg de massa corporal; e o $[\text{Cu}(\text{phen})_2]^{2+}$ 1mg/kg de massa corporal. O tratamento foi feito a cada 2 dias até o 11º dia. A massa dos animais também foi monitorada a cada 2 dias até o 16º dia de experimento. No 9º dia o aumento do tumor foi observado (aumento da cavidade abdominal). O tempo total do experimento foi de 30 dias (o último animal morreu no 29º dia). **Resultados e Discussão:** Com os estudos *in vitro* confirmamos que os compostos são citotóxicos para as células de Ehrlich, mesmo em baixas concentrações (3,15 e 4,2 $\mu\text{mol L}^{-1}$), como demonstrado anteriormente, na linhagem celular K562 (1,93 e 2,59 $\mu\text{mol L}^{-1}$). Nos estudos *in vivo* houve diferença significativa ($p < 0,0001$) na taxa de sobrevivência entre os diferentes grupos. O complexo $[\text{Cu}(\text{phen})_2]^{2+}$ mostrou-se tóxico *in vivo*, causando a morte dos camundongos em um tempo inferior ao do grupo controle. O complexo $[\text{Cu}(\text{dox})(\text{phen})]^{2+}$ aumenta a sobrevivência dos animais nesse modelo ascítico, diminuindo o crescimento do tumor, mesmo na concentração de 1mg/Kg de massa corporal. **Conclusão:** Estes resultados são muito importantes, abrindo perspectiva para a utilização do complexo $[\text{Cu}(\text{dox})(\text{phen})]^{2+}$ no tratamento do câncer.

Palavras-chave: Complexos metálicos, antitumorais, Tumor de Ehrlich.

AValiação DA ATIVIDADE BACTERICIDA DE NANOPARTÍCULAS DE PRATA PRODUZIDAS POR FUNGOS DO GÊNERO *Phoma*

Gláucia Rigotto Caruso¹, Paula Souza Santos¹, Léa Duarte¹, Anielle Christine Almeida Silva², Mahendra Rai³, Noelio Oliveira Dantas², Luiz Ricardo Goulart¹, Paula Cristina Batista de Faria¹

¹Laboratório de Nanobiotecnologia, Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, CP 593, 38.400-902, Uberlândia, MG, Brasil.

²Laboratório de Novos Materiais Isolantes e Semicondutores (LNMIS), Instituto de Física, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG, Brasil.

³Departamento de Biotecnologia, S.G.B. Amravati University, Amravati, Maharashtra, India.

E-mail do 1º autor: g_rigotto@hotmail.com

Introdução: A nanotecnologia tem permitido o desenvolvimento de tecnologias que geram benefícios, principalmente na área biomédica. Alguns fungos do gênero *Phoma* possuem a capacidade de sintetizar nanopartículas de prata (NPs-Ag) que têm apresentado atividade antibacteriana. No presente trabalho, com o intuito de avaliar tal propriedade, cepas das bactérias *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus* e *Pseudomonas aeruginosa* foram testadas quanto à sensibilidade em relação às NPs-Ag produzidas pelos fungos *Phoma eupyrena* e *Phoma putatinum*.

Metodologia: As nanopartículas foram sintetizadas a partir da adição de nitrato de prata (AgNO₃) ao meio de cultura de células fúngicas de *Phoma eupyrena* e *Phoma putatinum*. As NPs foram caracterizadas por espectrofotometria de absorção óptica. Após a prévia caracterização, as bactérias *E. coli*, *S. aureus* e *Ps. aeruginosa* foram semeadas em placas de petri contendo meio Mueller Hinton. Para a verificação da atividade antimicrobiana das NPs, foram feitos ensaios microbiológicos utilizando o método de discos de difusão, nos quais foram adicionados diferentes quantidades da solução de nanopartículas (5, 10 e 15 µL). Foi realizado um controle negativo adicionando aos discos uma solução de nitrato de prata. As placas foram incubadas a 37°C e após 24 horas os halos de inibição foram medidos. **Resultados e Discussão:** Observou-se nos espectros de absorção óptica das soluções purificadas das duas culturas fúngicas, uma banda localizada em torno de 430 nm. Esta banda é associada com a vibração coletiva dos elétrons livres em ressonância com a luz, confirmando a presença de nanopartículas de prata nas soluções. As NPs-Ag produzidas pelas duas espécies de fungo do gênero *Phoma* avaliadas no presente trabalho, apresentaram atividade bactericida a qual pode ser observada por meio da formação de zonas de inibição no cultivo bacteriano. As três linhagens de bactérias patogênicas submetidas ao teste mostraram-se susceptíveis à ação das NPs. Foi observado um aumento no tamanho dos halos diretamente proporcional à quantidade de NPs adicionadas aos discos de difusão. Não foi observada formação de zona de inibição nos discos com AgNO₃, confirmando que tal propriedade é dependente da organização nanoparticulada do agente. **Conclusões:** A biossíntese de nanopartículas de prata a partir de fungos é uma forma sustentável, fácil e econômica, podendo ser um grande atrativo para as indústrias farmacêuticas, pois a mesma é capaz de eliminar a adição de agentes tóxicos utilizados na síntese convencional. Além disso, visto que as bactérias mostraram-se sensíveis às NPs Ag, as mesmas poderão auxiliar no desenvolvimento de novos agentes antimicrobianos, trazendo uma promissora alternativa para o tratamento de infecções por bactérias multirresistentes. Posteriormente ao trabalho iniciado, estudos futuros se

fazem necessários para a avaliação sinérgica entre as nanopartículas de prata e antibióticos convencionais.

Palavras-chave: Nanopartículas de prata, *Phoma sp.*, Atividade bactericida.

Agradecimentos: CNPq, CAPES – REDE NANOBIOTEC/BRASIL

AValiação *IN VITRO* DA CITOTOXICIDADE DE DIFERENTES NANOPARTÍCULAS EM LINHAGEM DE MACRÓFAGO MURINO

Mariana Abilio de Moraes¹, Gláucia Rigotto Caruso¹, Brenda Daroz¹, Paula de Souza Santos¹, Anielle Christine Almeida Silva², Luiz Ricardo Goulart Filho¹, Noelio Oliveira Dantas², Paula Cristina Batista de Faria¹

¹Laboratório de Nanobiotecnologia, Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG

²Laboratório de Novos Materiais Isolantes e Semicondutores, Instituto de Física, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG

E-mail do 1º autor: moraismariana8@hotmail.com

Introdução: Os avanços da nanotecnologia têm permitido um aumento dos estudos biotecnológicos voltados para o desenvolvimento de novos materiais, produtos e processos como, por exemplo, a elaboração de formulações vacinais, biofármacos, testes de diagnóstico, bioimagem, cosméticos, dentre outros. O universo das nanopartículas (NPs) tem crescido rapidamente e, de modo geral, sabe-se muito pouco sobre a biodisponibilidade, biodegradabilidade e toxicidade desses novos nanomateriais, sendo necessários cada vez mais estudos para garantir que as mesmas sejam utilizadas de forma segura em testes futuros “*in vivo*”. Esse trabalho teve por objetivo avaliar “*in vitro*” a viabilidade celular de macrófagos murinos quando expostos a diferentes concentrações de nanotubos de carbono de parede múltipla (MWCNT) funcionalizados com grupamentos carboxila (COOH) e quantum dots (QD) de tamanhos mágicos (MSQDs) *core-shell*(CS) de CdSe/CdS funcionalizados com grupamento hidroxila (OH), por meio da metabolização do sal tetrazólico MTT por enzimas mitocondriais. Trata-se de um método colorimétrico sensível e quantitativo que mensura o metabolismo celular, proliferação e estado de ativação das células. **Metodologia:** Os MSQDs-CS-OH foram sintetizados via solução aquosa e suas propriedades ópticas foram investigadas pelas técnicas de espectroscopia de absorção óptica (AO) e de fluorescência (FL). Os MWCNT-COOH utilizados nos ensaios foram sintetizados pelo método de Deposição Química de Vapor, foram caracterizados por microscopia eletrônica de transmissão. A linhagem celular J774-A1 foi cultivada em meio RPMI 1640 suplementado com 10% de soro fetal bovino (FBS) e 0,1% de gentamicina (GIBCO, 10 mg/mL), em atmosfera de 5% de CO₂ a 37°C. Após a obtenção de 80% de confluência, as células foram removidas utilizando tripsina, ressuspendidas em meio completo e submetidas a centrifugação. As células foram semeadas em placas de 96 poços a uma densidade de 1x10⁵ células/poço. Após incubação por 4 h para adesão, as células foram tratadas com diferentes concentrações de nanotubos de carbono (MWCNT) e MSQDs-CS de CdSe/CdS-OH 1µg/ml; 10µg/ml e 50µg/ml e permaneceram em cultura por 24 h. Foi realizado um controle negativo composto somente por células cultivadas nas mesmas condições, porém, sem exposição às nanopartículas. A quantidade de células viáveis em cada poço foi determinada pela absorbância do solubilizado formazan, medida a um comprimento de onda de 570 nm (Placa Thermo, TP-Reader). Todos os ensaios foram conduzidos em triplicata e as análises estatísticas foram feitas por meio de um teste de variância utilizando-se o *Software GrapPad Prism 5.0*. **Resultados e Discussão:** Os espectros de absorção óptica e fluorescência dos MSQDs-CS de CdSe/CdS-OH confirmaram a

formação dos MSQDs com tamanhos em torno de 1.50 nm e um amplo intervalo de luminescência, que permite a visualização desses QDs em diferentes canais de detecção, variando do verde ao vermelho. Ao final do processo foram obtidos nanotubos de carbono de múltiplas paredes funcionalizados com grupamentos carboxila, com pureza aproximada de 95%, comprimento médio de 600 nm e poucos defeitos cristalinos. Foi possível observar em nosso teste de citotoxicidade aguda (verificada no período de 24h) que dentro da faixa de concentração avaliada, os MWCNTs mostraram-se não citotóxicos. No caso dos MSQDs-CS de CdSe/CdS-OH observamos uma queda significativa ($p < 0,05$) na viabilidade dos macrófagos, contudo, somente quando expostos à maior concentração avaliada. Sendo assim, em concentrações abaixo de $50\mu\text{g/ml}$ este nanomaterial também poderá ser utilizado com sucesso sem prejuízo para as células e conseqüentemente, para os animais. **Conclusões:** Nossos dados mostram uma avaliação preliminar e, portanto, estudos futuros serão necessários para uma avaliação mais detalhada com outras concentrações de nanopartículas e diferentes tempos de incubação. Assim, poderemos determinar melhores condições de tratamento para os futuros testes “*in vivo*”.

Palavras-chave: Nanotubos de Carbono, Quantum dots, Citotoxicidade.

Agradecimentos: CNPq, CAPES – REDE NANOBIOTEC/BRASIL

ESTUDO DA CITOTOXIDADE DE DIFERENTES CONCENTRAÇÕES DE NANOTUBOS DE CARBONO MULTIWALL FUNCIONALIZADOS UTILIZANDO-SE COMO MODELO QUERATINÓCITOS HUMANOS.

Kátia M. Freitas¹; Stella P. Lopes²; Tatiane G. Santos²; Erick S. Ávila²; Jesus Nuncira³; Miriam T.L. Paz¹; Luiz O. Ladeira²; Lídia M. Andrade².

¹Laboratório de Substâncias Antitumorais do Departamento de Farmacologia do ICB-Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG

²Labortório de Nanomaterias do Departamento de Física. Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG

³Universidade Industrial de Santander, Colômbia

E-mail do 1º autor: artemisk_farma@yahoo.com.br

Introdução: Nanotubos de carbono (NTC) têm sido amplamente utilizados em pesquisas da área da saúde como carreadores de drogas e em terapias experimentais, entretanto pouco se sabe sobre seus efeitos toxicológicos. NTCs são estruturas tubulares formados por uma ou mais folhas de grafeno enroladas possuindo diâmetro nanométrico e com comprimento variando até a ordem de microns. Nanotubos podem ser basicamente de dois tipos: parede simples (SWCNT) ou paredes múltiplas (MWCNT). Esses materiais possuem características físicas e químicas que os tornam atrativos para ligação de diferentes compostos, dentre eles, fármacos de interesse médico, fazendo parte de um novo campo do conhecimento aplicado á saúde: a nanomedicina. Tais possíveis aplicações devem-se ao fato dos nanotubos de carbono conseguirem atravessar barreiras biológicas e interagirem com receptores, organelas e diversas biomoléculas intracelulares. Entretanto, a citotoxicidade relacionada a esses nanomateriais carece de maiores estudos. De uma maneira geral, nanotubos de carbono funcionalizados são dispersos em meio aquoso sem, contudo estarem completamente solubilizados. Posto que uma parte desses nanotubos dispersos não consegue atravessar as membranas celulares a citotoxicidade relacionada tem se mostrado relativamente baixa. Para se avaliar a real toxicidade de NTC e, por conseguinte, determinar um índice de citotoxicidade a 50% (IC₅₀) faz-se necessária a solubilização destes NTCs, favorecendo assim uma maior captação intracelular dos nanotubos. Desta forma, esta pesquisa se propõe avaliar a citotoxicidade de MWNTCs funcionalizados e solubilizados em água sobre queratinócitos humanos. **Metodologia:** Funcionalização: MWCNT foram adicionados a uma solução de ácido nítrico e ácido sulfúrico (Sigma-Aldrich PA) para serem funcionalizados em um microondas (Start Synth – Microwave Labstation) a 550 W por 15 minutos, de acordo com o protocolo padrão. Solubilização: 5mg MWCNT funcionalizados foram adicionados em 100mL de água destilada e em seguida, passaram por 3 ciclos de ultrassonificação em ultrassom de ponta, a 20kHz, 15 minutos cada, com intervalos de 1 minutos entre os ciclos. Logo após, a solução foi autoclavada para garantir uma solução estéril. Caracterização da solução: foram realizadas análises espectrofotométricas da solução no comprimento de onda variando entre 350 a 1000nm no equipamento Varioskam em duas diluições de análise. Análise termogravimétrica (TGA) foi executada de acordo com protocolo padrão e comparada a análise termogravimétrica inicial do NTC funcionalizado. Ensaio de IC₅₀: foram utilizados queratinócitos humanos da linhagem HaCat semeadas em placa multi-poços de 96W com densidade de inoculação de 5x10⁻³ células/poço. As concentrações de teste utilizadas foram 0,25µg, 0,50µg, 0,75µg, 1,0µg, 1,5µg, 2,0µg, 3,0µg, 5,0µg.

Foi utilizado ensaio colorimétrico com MTT(5mg/mL) para os intervalos de tempos de 24, 48 e 72hs. A densidade óptica foi determinada no comprimento de onda de 570nm. **Resultados e Discussão:** A análise de espectrometria sugere que os nanotubos contidos na solução mantiveram seu pico característico de estrutura tubular. A TGA da solução não apresentou diferenças com a TGA inicial, aparentemente os nanotubos não perdem sua característica original em decorrência dos ciclos de ultrassonificação. Os resultados do ensaio de IC₅₀ mostraram que não houve morte celular acentuada em nenhuma das concentrações testadas. Não houve diferença entre as concentrações em 72hs, indicando que nas concentrações avaliadas os nanotubos de carbono mostram-se adequados para experimentação *in vitro* bem como sugerem biocompatibilidade com o tecido normal. **Conclusões:** Maiores estudos são necessários para se alcançar a IC₅₀ de MWCNT solubilizado utilizando-se concentrações maiores que as investigadas nesse estudo.

Palavras-chave: nanotubos de carbono, citotoxicidade e queratinócitos

Agradecimentos: FAPEMIG, CAPES e CNPq

FUNCIONALIZAÇÃO DE NANOBASTÕES DE OURO COM ANTÍGENOS E ANTICORPOS DE *Paracoccidioides brasiliensis* PARA FINS DE DIAGNÓSTICO

Cyntia Silva Ferreira¹; Erica Milena de Castro Ribeiro¹; Anderson Caires de Jesus²; Luiz Orlando Ladeira²; Luiz Cosme Cotta Malaquias³; Alfredo de Miranda Goes⁴; Breno de Mello Silva¹.

¹Laboratório de Biologia e Tecnologia de Microrganismos, Instituto de Ciências Exatas e Biológicas, Universidade Federal de Ouro Preto.

²Laboratório de Nanomateriais, Instituto de Ciências Exatas, Universidade Federal de Minas Gerais.

³Laboratório de Vacinas, Instituto de Ciências Biomédicas, Universidade Federal de Alfenas.

⁴Laboratório de Imunologia Celular e Molecular, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Minas Gerais.

E-mail do 1º autor: csf.ferreira@gmail.com

Introdução: A paracoccidioidomicose é uma micose granulomatosa endêmica no Brasil causada pelo fungo dimórfico *Paracoccidioides brasiliensis*. A doença está associada com fatores sociais e econômicos, sendo frequente em populações rurais. Estima-se que nas regiões endêmicas, nas quais vivem aproximadamente noventa milhões de pessoas, pelo menos dez milhões podem ser infectadas anualmente. Embora a maioria não apresente manifestações clínicas, 2% dos infectados acabam desenvolvendo a doença, geralmente evoluindo para o óbito. A importância de um diagnóstico preciso e rápido desta micose pode facilitar a pronta iniciação da terapêutica específica a fim de evitar tanto o aumento da lesão pulmonar quanto a disseminação do fungo para outros órgãos e o desenvolvimento de fibrose. Além disso, como trata-se de uma infecção persistente, muitos pacientes acabam desistindo da continuidade do tratamento com quimioterapia antifúngica. Desse modo, um método rápido de diagnóstico poderia auxiliar também na etapa de acompanhamento dos pacientes. Nos últimos anos, o uso de nanopartículas de ouro tem se mostrado como uma opção promissora para o desenvolvimento de novos testes de diagnóstico. Entre os tipos de nanopartículas empregadas, os nanobastões de ouro (AuNRs), devido às suas características ópticas peculiares, conferidas por seu tamanho e forma, apresentam grande potencial. O objetivo deste trabalho é desenvolver e avaliar a eficácia de um sistema de detecção de proteínas do patógeno *Paracoccidioides brasiliensis* utilizando nanobastões de ouro funcionalizados com antígenos e anticorpos para fins de diagnóstico, tendo em vista que esses nanobastões são fortes candidatos à construção de nanobiosensores com alta sensibilidade e alto potencial biotecnológico. **Metodologia:** Para tanto, os AuNRs foram funcionalizados, com o uso de reagentes intermediários, com o antígeno X e o anticorpo Y. Foram testadas três plataformas diferentes de funcionalização empregando cisteamina, ácido lipóico e polietilenoimina. **Resultados e discussão:** O acoplamento foi confirmado por meio de espectroscopia de UV-visível, e em seguida foi testada uma abordagem experimental adicionando-se à solução os correspondentes anticorpos e antígenos ligantes, com posterior comprovação da associação por espectroscopia de UV-visível, na qual uma alteração do perfil de absorção óptica característica dos AuNR foi observada, havendo deslocamento do comprimento de onda de absorção máxima dos picos analisados. Os resultados preliminares demonstraram o potencial de uso dos AuNR funcionalizados como ferramenta de diagnóstico para a paracoccidioidomicose. **Conclusões:** Testes posteriores serão realizados para o estabelecimento dos fatores sensibilidade e especificidade

desse biossensor, possibilitando o seu uso em ensaios com sorotecas de pacientes positivos e futura adaptação para fins de comercialização.

Palavras-chave: Diagnóstico, Paracoccidiodomicose, Nanobastões de ouro.

Agradecimentos: CAPES.

NANOPARTÍCULAS DE OURO FUNCIONALIZADAS COM ANTICORPOS PARA DIAGNÓSTICO DE DENGUE.

Erica Milena de Castro Ribeiro¹; Cyntia Silva Ferreira¹; Anderson Caires de Jesus²; Flavio Guimaraes da Fonseca³; Luiz Orlando Ladeira²; Breno de Mello Silva¹.

¹Laboratório de Biologia e Tecnologia de Micro-organismos, Núcleo de Ciências Biológicas, Instituto de Exatas e Ciências Biológicas, Universidade Federal de Ouro Preto, Ouro Preto, MG.

²Laboratório de Nanomateriais, Instituto de Ciências Exatas, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG.

³Laboratório de Virologia Básica e Aplicada, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG.

E-mail do 1º autor: emcristeiro@gmail.com

Introdução: A Dengue é transmitida pelo mosquito *Aedes Aegypti* e é causada pelo *Dengue vírus* da família Flaviviridae. Nos últimos anos, infecções por este vírus têm se tornado uma epidemia de proporções globais. E, dados recentes estimam que mais de 100 milhões de casos de dengue ocorrem ao ano em todo o planeta, e que cerca de 3 bilhões de pessoas encontra-se em risco eminente de serem infectadas em 100 países. Além disso, medidas de prevenção de doenças geralmente se concentram no controle do vetor ou na utilização de vacinas para imunização. Entretanto, o desenvolvimento de uma vacina para Dengue capaz de combater os quatro sorotipos e o combate ao vetor nem sempre se mostram eficientes. Uma alternativa seria um diagnóstico precoce e preciso da dengue, possibilitando a clínica adequada e oportunas intervenções para prevenir a morbidade grave e a mortalidade. Neste contexto, novos materiais com propriedades químicas e físicas peculiares, tais como os nanotubos e carbono e, especialmente, ou nanopartículas de ouro (AuNPs) têm sido utilizadas como biomarcadores. Estas nanopartículas têm propriedades físico-químicas únicas, tal como a oscilação coletiva dos elétrons chamada de ressonância plasmônica, que podem ser facilmente ajustadas. Assim, a detecção de biomoléculas como proteínas e anticorpos ligados às AuNPs pode ser feita a partir do seu espectro de absorção. Dessa forma, o objetivo deste estudo é desenvolver e analisar a eficácia de metodologias de funcionalização de nanopartículas com anticorpos específicos anti-DENV e anti-flavivirus e a ligação dos mesmos aos antígenos. **Metodologia:** Para isso, hibridomas foram cultivados em meio RPMI 1640 e depois disso, foram privados de nutrientes em cultura para a produção dos anticorpos e o sobrenadante coletado para posterior purificação das imunoglobulinas. Já as nanopartículas foram funcionalizadas com ácido lipóico, cisteamina e polietilenoimina e, posteriormente, com anticorpos. **Resultados e Discussão:** Um deslocamento do comprimento de onda foi observado a cada funcionalização, se comparado com AuNPs não funcionalizados e caracterizados anteriormente. Os resultados foram analisados através da leitura de sua ressonância de plasmon em espectrômetro de varredura UV-Vis. **Conclusões:** Assim, sugere-se que as nanopartículas de ouro podem ser utilizadas para um diagnóstico de baixo custo de produção. E ser ainda mais rápido, preciso e prático que as técnicas já existentes.

Palavras-chave: Diagnóstico, Dengue, Nanopartículas de ouro.

Agradecimentos: CAPES.

Observação: Os anticorpos utilizados foram omitidos propositalmente para fins de proteção intelectual.

SÍNTESE VERDE DE NANOPARTÍCULAS DE PRATA UTILIZANDO EXTRATO AQUOSO DE FOLHAS DE *Caryocar brasiliensis*

Cíntia C. Bonatto^{1,3}, Ivy G. Reis^{1,3}, Clara L. F. Marina^{1,3}, Marcelo H. S. Ramada^{1,3},
Fernando Y. Abrão², Luciano P. Silva^{1,3}

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, Brasil.

²Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Brasil,

³Universidade de Brasília, Brasília, Brasil.

E-mail do 1º autor: cinthiabonatto@gmail.com

Introdução: Síntese verde é o nome comum dado às rotas de síntese relativamente atóxicas, que utilizam reagentes químicos biodegradáveis e de custo baixo para sintetizar nanomateriais, tendo com a fonte primária ou iniciador da rota, um organismo biológico ou alguma de suas partes. Sendo assim, a possibilidade de utilização de extratos vegetais como agentes redutores para síntese de nanopartículas de prata (NP_{Ag}) torna-se bastante promissora. *Caryocar brasiliensis* Camber, conhecido popularmente como pequi, é uma espécie nativa do bioma Cerrado com importância econômica regional considerável. O objetivo do presente estudo foi avaliar as propriedades ópticas, estruturais e biológicas de nanopartículas de prata (Ag-NP) sintetizadas utilizando extrato aquoso das folhas de *C. brasiliensis*. **Metodologia:** As CBAg-NPs (nanopartículas de prata produzidas a partir de extrato de *C. brasiliensis*) foram sintetizadas incubando o extrato aquoso das folhas de *C. brasiliensis* (10 mg/mL) e AgNO₃ (1 mM) em duas condições distintas, à 25°C por 24h (condição 1) e à 75°C por 3h (condição 2). A síntese foi monitorada por espectrofotometria na região do visível (450 nm). Após a síntese, as CBAg-NPs obtidas tiveram suas características avaliadas por espectrofotometria de absorção, espalhamento de luz dinâmico, potencial Zeta de superfície e microscopia de força atômica; e suas possíveis atividades citotóxicas foram investigadas *in vitro*. Foram realizados ensaios de concentração inibitória mínima do crescimento (MIC) contra bactérias (*Escherichia coli* - ATCC 25922) e leveduras (*Candida albicans* - ATCC 90028); e ensaio de viabilidade celular por MTT (brometo de 3-[4,5-dimetil-tiazol-2-il]-2,5-difeniltetrazólio) em células de fibroblastos (NIH3T3) e câncer de mama murino (4T1). **Resultados e Discussão:** As CBAg-NPs sintetizadas nas condições 1 e 2 apresentaram formas esféricas e tamanhos nanométricos com diâmetros médios de $59,0 \pm 1,99$ e $59,2 \pm 2,09$, índice de polidispersividade de $0,461 \pm 0,012$ e $0,385 \pm 0,053$, e estabilidade coloidal moderada de $-24,3 \pm 3,4$ e $-22,1 \pm 0,7$ mV, respectivamente. Ensaio de viabilidade *in vitro* são passos cruciais em investigações nanotoxicológicas que visem à elucidar a possível resposta celular a um potencial agente tóxico. As CBAg-NPs inibiram o crescimento de *E. coli* e *C. albicans* nas concentrações equivalentes a prata livre de 8 µM e 64 µM, respectivamente. As CBAg-NPs (25 µM) também diminuíram significativamente a viabilidade de células de câncer de mama (4T1) e fibroblasto (NIH3T3), em 25% e 15% respectivamente, após 24 horas de exposição. **Conclusão:** Um método em uma única etapa, eco-amigável e de custo baixo foi desenvolvido para produzir Ag-NPs utilizando extrato de folhas de pequi e essas NPs apresentaram forma esférica, tamanho reduzido e propriedades antibacterianas, antifúngicas e antitumorais.

Palavras-chave: Síntese verde, Nanopartículas de prata, *Caryocar brasiliensis*

Agradecimentos: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, CAPES, FAPDF e CNPq.

UTILIZAÇÃO DE NANOPARTÍCULAS DE OURO FUNCIONALIZADAS COM PEPTÍDEOS SINTÉTICOS PARA BIOSSENSORIAMENTO DA ANAPLASMOSE BOVINA

Brenda Daroz¹; Glaucia Rigotto Caruso¹; Paula Souza Santos¹; Anderson Caires de Jesus²; Luiz Ricardo Goulart¹; Luiz Orlando Ladeira²; Paula Cristina Batista de Faria¹.

¹Laboratório de Nanobiotecnologia, Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG, Brasil.

²Laboratório de Nanomateriais, Instituto de Física, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG, Brasil.

E-mail do 1º autor: brenda_daroz@hotmail.com

Introdução: A anaplasmosse bovina é uma infecção intraeritrocitária causada por uma bactéria denominada *Anaplasma marginale*, em que os sintomas são anemia severa e alta taxa de aborto em bovinos. Consequentemente, há um prejuízo para as indústrias de laticínios e carnes. Atualmente, o diagnóstico da anaplasmosse é baseado na observação de sinais clínicos e muitas vezes são necessários exames adicionais, como microscopia óptica de esfregaços de sangue ou procedimentos de diagnóstico sorológico/molecular. Dentro desse contexto, observa-se uma necessidade do desenvolvimento de métodos de identificação mais rápidos, práticos e sensíveis. Entre as diversas nanopartículas que têm sido utilizadas em biossensoriamento, os *nanorods* (nanobastões) de ouro (GNRs) tem se destacado por apresentarem propriedades ópticas específicas e altamente adequadas para uso em plataformas diagnósticas e de imagem. Recentemente, o nosso grupo de pesquisa selecionou peptídeos miméticos da proteína MSP1A que compõe a membrana da bactéria *A. marginale* contendo o motivo crítico STSSxL, essencial para o reconhecimento por anticorpos específicos presentes no soro de animais infectados. Neste trabalho foi desenvolvido um biossensor por meio do uso destes peptídeos sintéticos conjugados aos *nanorods* de ouro, como elementos de reconhecimento para o diagnóstico da Anaplasmosse Bovina. **Metodologia:** Os GNRs foram sintetizados pelo método de crescimento mediado por semente. Após a síntese, a solução de *nanorods* foi submetida a um processo de purificação por meio de sucessivas centrifugações para a retirada das nanopartículas geradas de tamanhos inadequados e do excesso de surfactante (CTAB). Ao final, os *nanorods* foram redispersos em água deionizada e então, caracterizados por técnicas como microscopia eletrônica de transmissão (TEM) e espectroscopia UV-vis. Para o desenvolvimento dos biossensores, GNRs foram covalentemente conjugados ao peptídeo sintético Am1 (STSSQLGGGSSTSSQLGGGSSTSSQL) previamente selecionados por *Phage Display* por meio de um agente de acoplamento (EDAC) e um agente estabilizador (NHS) que foram utilizados para formar um éster ativo, que, em seguida, reagiu com os grupos amino presentes nos peptídeos. **Resultados e Discussão:** Foi possível observar por meio das análises de TEM que após o processo de purificação, obtivemos uma amostra de *nanorods* de ouro monodispersa com alta qualidade e livre de impurezas. O espectro de absorção óptica no UV-Vis revelou os dois picos característicos dos GNRs referentes às frequências de ressonância em que os elétrons de condução na superfície das nanopartículas estão em oscilação coletiva (plasmon), o que confirma a qualidade da síntese. O pico máximo de absorção foi de ~730 nm e corresponde ao plasmon longitudinal das NPs. A conjugação dos peptídeos sintéticos foi confirmada com sucesso por meio de um deslocamento (*shift*)

significativo nos picos de absorção característicos dos *nanorods*, detectado por espectroscopia UV-Vis utilizando apenas 2 μL da solução. **Conclusões:** Esperamos detectar eficientemente anticorpos presentes no soro de animais infectados, com base nessa resposta distinta dos espectros de plasmon dos GNRs para eventos de ligação de alvos - peptídeos e anticorpos. Este trabalho representa um passo importante para o desenvolvimento de novas plataformas de biossensoriamento baseadas em nanotecnologia - sondas de *nanorod*. Além de realçar a potencial aplicação de nanopartículas no cenário biomédico, tal tecnologia também poderá ser adaptada a partir da simples substituição dos antígenos (peptídeos) e, por conseguinte, utilizada no diagnóstico de outras patologias.

Palavras-chave: Nanopartículas de ouro, *Anaplasma marginale*, Biossensor.

Agradecimentos: CNPq, FAPEMIG, CAPES – REDE NANOBIOTEC/BRASIL