

é amplamente utilizada nos processos fermentativos (produção de etanol, vinhos, cerveja, pães) e em produção heteróloga de proteínas de interesse industrial e comercial.

**214 Estudos da variabilidade genética de Cracídeos brasileiros ameaçados de extinção (aves, Galliformes), como subsídios para a conservação *ex situ***

Mercival Roberto Francisco  
Universidade Federal de São Carlos (UFSCar)  
Campus de Sorocaba  
Processo 2008/51197-0  
Vigência: 1/3/2009 a 28/2/2013

Nos últimos anos, diversas espécies de animais criticamente ameaçados foram salvas da extinção graças ao resgate dos últimos indivíduos sobreviventes na natureza e à reprodução monitorada em cativeiro. No entanto, um dos grandes desafios para a propagação em longo prazo de animais em zoológicos e criadouros conservacionistas é amenizar a perda de variabilidade genética devido ao tamanho reduzido das populações. A aplicação de técnicas de genética molecular torna possível o cálculo da distância genética entre os espécimes a serem manejados, para que se possa acasalar os indivíduos menos similares geneticamente, evitando-se a perda de heterozigose. O mutum-do-nordeste, *Mitu mitu* (Aves, Cracidae) está extinto na natureza e é uma das aves mais ameaçadas do planeta. Todos os indivíduos vivos são descendentes de três exemplares que foram trazidos para o cativeiro em 1979. A partir de 1990, parte da população foi hibridizada com *M. tuberosum* e, atualmente, para muitos indivíduos não se tem certeza quanto à pureza genética. Embora problemas decorrentes da homozigose já tenham se manifestado na população, um programa sistemático de monitoramento genético ainda não foi implementado para esta espécie. *A jacutinga aburria jacutinga* é outro cracídeo brasileiro listado como ameaçado de extinção. Dentre as ações de conservação sugeridas para esta espécie estão a translocação de animais e a reintrodução em áreas nas quais se tornou extinta, de maneira que a reprodução em cativeiro pode garantir uma valiosa fonte de indivíduos para reintroduções. No entanto, nada se sabe sobre a variabilidade genética dos exemplares hoje em cativeiro. Diante disso, os objetivos deste projeto são: isolar e caracterizar marcadores de microssatélites para *M. mitu*, *M. tuberosum* e *A. jacutinga*; utilizar estes marcadores para identificação dos híbridos *M. mitu* x *M. tuberosum* e indicar os melhores acasalamentos para minimizar a perda de heterozigose e de diversidade alélica. Com isso, busca-se o desenvolvimento de recomendações e ações para a conservação dessas espécies ameaçadas da fauna brasileira.

**215 Filogeografia e sistemática molecular da ictiofauna de riachos na bacia do alto rio Paraná: *Astyanax paranae* (Pisces: Characidae) como modelo de estudo**

Anderson Luís Alves  
Instituto de Biociências de Rio Claro  
Universidade Estadual Paulista (Unesp)  
Processo 2007/58641-0  
Vigência: 1/4/2008 a 31/3/2010

Atualmente, crescentes esforços vêm sendo desenvolvidos no sentido de se caracterizar a ictiofauna neotropical de riachos do ponto de vista taxonômico e sistemático, porém a estrutura genética dessas populações ainda é pouco conhecida, sendo escassos os estudos sobre filogeografia dessa ictiofauna. Considerando que *Astyanax paranae* represente a única espécie do complexo scabripinnis na bacia do alto rio Paraná, a ausência de dados moleculares populacionais e as evidências citogenéticas e morfológicas de que esta espécie não represente uma unidade monofilética, faz-se necessário um amplo estudo filogeográfico e filogenético em *Astyanax paranae*. Pretende-se caracterizar a variabilidade genética em populações de *Astyanax paranae* e estabelecer as relações filogenéticas e filogeográficas entre as linhagens de DNA na bacia do alto rio Paraná. As análises serão realizadas mediante identificação dos haplótipos do mtDNA e nDNA, a partir das análises de sequências dos genes ATPase 6/8 e RAG-2 que serão completamente sequenciados. Serão analisados 150 indivíduos de 21 populações de *Astyanax paranae* e nove populações de seis espécies de *Astyanax* relacionadas, num total de cinco indivíduos por população. Os resultados auxiliarão num mapeamento da distribuição geográfica das linhagens de DNA no ecossistema estudado, com a finalidade de propor uma hipótese filogeográfica e filogenética que auxilie na compreensão dos processos geográficos e ecológicos que evolutivamente estabeleceram as relações entre as populações de *Astyanax paranae* nos principais rios formadores da bacia do alto rio Paraná. Tais informações podem se constituir em um modelo biogeográfico para outras espécies nesse ambiente, além de confirmar a hipótese de subestimativa da ictiofauna de riachos da bacia do alto rio Paraná.

**216 Isolamento e caracterização de micro-RNAs e seus genes-alvo em cana-de-açúcar**

Fábio Tebaldi Silveira Nogueira  
Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (Esalq)  
Universidade de São Paulo (USP)  
Processo 2007/58289-5  
Vigência: 1/7/2008 a 30/6/2012