

AVALIAÇÃO DE CARACTERES BIOLÓGICOS E PRODUTIVOS EM RAÇAS SEGREGANTES DE BICHO-DA-SEDA (*Bombyx mori* L.)

**Amanda da Silva Ribeiro¹, Carlos Vinício Prescinato de Oliveira¹, Fumiko Okamoto²,
Roxelle Ethienne Ferreira Munhoz¹, Maria Aparecida Fernandez¹**

¹Universidade Estadual de Maringá. Departamento de Biologia Celular e Genética. Maringá, Paraná. ²Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios. Gália, São Paulo. e-mail: aparecidafernandez@gmail.com

O desenvolvimento de programas de melhoramento genético do bicho da seda, *Bombyx mori* L. objetiva gerar híbridos mais resistentes a doenças e pragas, produtivos e adaptados às condições climáticas da região. Para tanto, é necessária a obtenção de raças puras de diferentes origens geográficas de *B. mori*, com características desejáveis e contrastantes para serem usadas em programas de melhoramento genético. Com esse objetivo, este trabalho avaliou raças segregantes, obtidas pela hibridação de raças matrizes de diferentes origens geográficas, em relação a características associadas à produtividade. O experimento foi realizado no Laboratório de Melhoramento do Bicho-da-seda (UEM/ACESP), no município de Nova Esperança, no mês de abril de 2009. Foram analisadas três raças segregantes quanto ao formato do casulo. Essas raças foram obtidas através de cruzamentos entre matrizes japonesas e indianas M8XB106, que apresentam casulos levemente acinturados (*Slight Peanuts*); casulos fortemente acinturados (*Peanut*), provenientes do cruzamento das matrizes M12-2XB106 e a matriz japonesa, considerada testemunha, M19-2, que apresenta casulos ovalados. Foram avaliadas como características biológicas o peso da glândula (PG), da lagarta (PL) e o comprimento da lagarta (CL); e como características produtivas foram avaliados o peso (PC) e comprimento do casulo (CC), peso da casca sérica (PCS), teor de seda (TS) e taxa de fecundidade (FE). O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, com quatro repetições, e os dados submetidos ao teste Tukey (0,05%). A raça segregante (M8XB106), com casulos *Slight Peanuts*, apresentou os melhores resultados para todas as variáveis, tendo melhor desempenho que os valores obtidos com a matriz M19-2. Quanto ao TS, não houve diferença estatística entre as raças, sendo a média geral de 13,88%, valor inferior aos valores geralmente encontrados em híbridos comerciais de *B. mori*, os quais apresentam valores entre 15 e 17%. Entretanto, a avaliação das próximas gerações destas raças pode indicar o seu potencial produtivo.

Apoio: CAPES, CNPq, FINEP/Fundação Araucária, FINEP/COMCAP/UEM, Secretaria de Estado da Ciência, Tecnologia e Ensino Superior – FUNDO PARANÁ, Prêmio de Ciência e Inovação Santander Banespa 2006.

DESEMPENHO PRODUTIVO EM MATRIZES E HÍBRIDOS DO BICHO-DA-SEDA (*Bombyx mori* L.)

**Naiara Climas Pereira¹, Jeronimo Tavares¹, Fumiko Okamoto²,
Roxelle Ethienne Ferreira Munhoz¹, Maria Aparecida Fernandez¹**

¹Universidade Estadual de Maringá. Departamento de Biologia Celular e Genética. Maringá, Paraná. ²Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios. Gália, São Paulo. e-mail: aparecidafernandez@gmail.com

O melhoramento genético do bicho-da-seda compreende desde a produção das melhores cultivares de amoreira (*Morus* sp.) para a alimentação das lagartas, seleção das melhores matrizes, de acordo com os caracteres objetivados, até à condução dos melhores cruzamentos entre genótipos superiores de *Bombyx mori* para produção de híbridos. Várias características vêm sendo aprimoradas visando maior produtividade e qualidade de casulos. Com esse objetivo, analisamos, nesse trabalho, as variáveis em dez exemplares: peso dos casulos (PC), das cascas séricas (PCS), das crisálidas (PCr) e teor de seda (TS). Foram avaliadas, no mês de abril do ano de 2008, cinco matrizes de origem geográfica japonesa (M8, M11, M12-2, M11-2, M18 e B106); três chinesas (C24, C25, C211); seis híbridos simples (C25XC24; C24XC25; M11XC24; M12-2XM11; M8XB106; M12-2XB106) e um híbrido triplo [(M12-2X106)XC24]. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, com três repetições, e os dados submetidos ao teste de médias Scott-Knott (0,05%). Em geral os híbridos apresentaram melhor desempenho para PC, PCS PCr, sendo que as médias gerais foram respectivamente, 13,40g, 2,84g e 10,57g, com exceção de (M8XB106) e (M12-2XB106) que apresentaram performance estatisticamente igual ao das matrizes. O TS não apresentou variação significativa para nenhuma das raças e híbridos avaliados, apresentando média geral de 16,73%. Conforme era esperado, os híbridos apresentaram desempenho produtivo superior às matrizes e semelhantes a outros reportados na literatura. Sendo assim, conclui-se que os híbridos analisados são promissores e devem continuar sendo avaliados em relação a um número maior de características e quanto à resistência a doenças em futuras etapas do programa de melhoramento.

Apoio: CAPES, CNPq, FINEP/Fundação Araucária, FINEP/COMCAP/UEM, Secretaria de Estado da Ciência, Tecnologia e Ensino Superior – FUNDO PARANÁ, Prêmio de Ciência e Inovação Santander Banespa 2006.

COMPARAÇÃO DE PARÂMETROS DE PRODUTIVIDADE NAS GERAÇÕES F1, F2 E F3 DE HÍBRIDOS DE *Bombyx mori* L.

**José Renato Pattaro Júnior¹, Lidia Aparecida Dourado¹, Fumiko Okamoto²,
Roxelle Ethienne Ferreira Munhoz¹, Maria Aparecida Fernandez¹**

¹Universidade Estadual de Maringá. Departamento de Biologia Celular e Genética. Maringá, Paraná. ²Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios. Gália, São Paulo. e-mail: aparecidafernandez@gmail.com

O bicho-da-seda, *Bombyx mori* L. (Lepidoptera: Bombycidae), de acordo com a distribuição geográfica, pode ser classificado e identificado como de origem Japonesa, Chinesa, Européia ou Indiana. O melhoramento de bicho-da-seda requer a seleção inicial de parentais para hibridação, seguida de meticulosa análise de teste de progênie. Com o intuito de gerar híbridos com alta produtividade de fios de seda em seus casulos, foram realizados cruzamentos, respectivamente, entre matrizes japonesas e indiana: M8XB106 e M12-2XB106. Foram avaliadas, em dois anos consecutivos (2008 e 2009), parâmetros de produtividade nas gerações F1, F2 e F3. Os experimentos foram conduzidos na sirgaria da unidade de pesquisa da APTA (Agência Paulista de Tecnologia de Agronegócios) na cidade de Gália, São Paulo. As variáveis PC (Peso do Casulo), PCS (Peso da Casca Sérica), PP (Peso da Pupa), TB (Teor de Seda Bruta), TS (Teor Líquido de Seda), foram analisadas através do teste de médias Scott Knott (0,05%). As lagartas eclodiram em decorrência do processo de estivação dos ovos, sendo tratadas com folhas de amoreiras frescas, em cinco tratos diários. Todas as raças receberam o mesmo manejo sem controle de umidade e temperatura. Observou-se neste trabalho que o híbrido da primeira geração (F1), apresentou resultados superiores para as variáveis PC, PCS e PP, como já era esperado, pois representam a máxima heterose. Já o híbrido F2 mostrou os melhores valores para as variáveis TB e TS, principais atributos que caracterizam uma melhor produção de seda. Médias inferiores foram observadas na F3 para todas as variáveis, resultado da depressão endogâmica nestas populações segregantes, não sendo indicadas para a produção de seda, porém podem ser consideradas promissoras para o processo, que resultará em novas linhagens com consecutivas gerações de endocruzamentos.

Apoio: CAPES, CNPq, FINEP/Fundação Araucária, FINEP/COMCAP/UEM, Secretaria de Estado da Ciência, Tecnologia e Ensino Superior – FUNDO PARANÁ, Prêmio de Ciência e Inovação Santander Banespa 2006.

ANÁLISE GENÉTICA DE ESPÉCIES DO GÊNERO *Hypostomus* DA BACIA DO RIO IVAÍ (PR), ATRAVÉS DE MARCADORES MOLECULARES ISSR

**Alignéia Aparecida de Souza Guedes, Alessandra Valéria de Oliveira,
Rosilene Luciana Delariva, Alberto José Prioli, Sônia Maria Alves Pinto Prioli**

Universidade Estadual de Maringá, Departamento de Ciências Biológicas. Av. Colombo, nº 5790, Maringá (PR), Cep: 87020-900. Centro Universitário de Maringá - CESUMAR, Departamento de Ciências Biológicas. Av. Guedner, nº 1610, Maringá, PR, Cep: 87050-390. e-mail: aligneia@hotmail.com. alessoli@cesumar.br

Os Loricariidae, da ordem Siluriformes, constituem a segunda maior família de peixes neotropicais em número de espécies, sendo *Hypostomus* o gênero mais especioso. Conhecidos popularmente como cascudos, possuem ampla distribuição e diversidade biológica e são considerados animais de acentuada importância ambiental, uma vez que atuam como pré-mineralizadores da matéria orgânica, antes que essa reingresse na cadeia alimentar. Sua ampla variação intraespecífica na morfologia e no padrão de coloração são problemas que dificultam a identificação das espécies. Na região do município de Maringá (PR), têm sido encontrados alguns exemplares do gênero e alguns morfótipos ainda não identificados, o que se torna pré-requisito fundamental para estudos ecológicos e para elaboração de estratégias de manejo. Dessa forma, este trabalho teve por objetivo obter marcadores moleculares espécie-específicos que pudessem ser utilizados na identificação de espécimes do gênero *Hypostomus* na região. Exemplares de oito espécies de *Hypostomus* coletados no rio Ivaí, foram analisados através da técnica ISSR, que se baseia na amplificação de DNA via PCR, utilizando um único *primer* com a seqüência repetitiva de um microssatélite. A técnica ISSR mostrou ser eficiente na identificação de polimorfismo de DNA entre os exemplares de *Hypostomus*, com a obtenção de marcadores monomórficos e exclusivos de cada população, que poderão ser utilizados para a identificação de espécimes, dentro do gênero, na região.

Apoio: Cesumar, Nupélia.

**EFEITO DA PRÉ-INCUBAÇÃO COM SOLUÇÃO SALINA NA
GERMINAÇÃO DE CONÍDIOS DE *Aspergillus nidulans***

**Ravelly Casarotti Orlandelli, Juliana Ceccon Voll, Michelle Alves Macena de Lacerda,
Carmem Lucia de Mello Sartori Cardoso da Rocha**

Universidade Estadual de Maringá, Departamento de Biologia Celular e Genética. Av. Colombo, nº 5790, Maringá (PR), Cep: 87020-900. e-mail: ravelycasarotti@gmail.com

O fungo filamentosso *Aspergillus nidulans* possui ciclo de vida com três fases bem definidas (vegetativa, conidiogênese e ascospogênese) e suas características favorecem sua manipulação em estudos de Genética do Desenvolvimento. A solução salina é considerada benéfica aos fungos, funcionando como estabilizador osmótico, porém, é inibidora em concentrações mais altas, atuando como germicida. Este trabalho teve como objetivo avaliar o efeito da pré-incubação, com solução salina, sobre o desenvolvimento da germinação dos conídios de *A. nidulans*. Conídios da linhagem *biA1methG1* de *A. nidulans*, de colônia de 5 dias, crescida em meio completo (MC) sólido a 37°C, foram coletados em 1mL de solução 0,01% de Tween 80 e agitados por 3 minutos. A essa solução foi acrescentado de 1mL de água destilada esterilizada, e em seguida filtrou-se em lã de vidro. Para o controle foram utilizados 1,5mL de MC líquido com 0,2mL de suspensão de conídios. Para o tratamento 0,2mL de suspensão de conídios e 1,5mL de solução salina 0,9% os conídios foram incubados a 37°C por 18 horas. O material foi centrifugado a 4000 rpm por 10 minutos e o sobrenadante foi descartado. Aos conídios centrifugados foi acrescentado 1,5mL de MC líquido. Conídios controle e tratados foram incubados em MC líquido, sobre lâmina de microscopia, por 2, 4, 6 e 8 horas a 37°C. Para cada tempo, duas lâminas do controle e duas do tratamento foram observadas ao microscópio óptico e 200 conídios de cada lâmina foram analisados, calculando-se a porcentagem de conídios nas fases: dormente, embebido, botão e germinado. Os resultados indicam que a solução salina acelera a embebição dos conídios, mas retarda o ciclo celular e a polarização. O grande número de conídios mortos e malformados indica que a solução salina é um possível agente mutagênico para conídios de *A. nidulans*.

ANÁLISE DA RESISTÊNCIA DE *Diatraea saccharalis* (LEPIDOPTERA: CRAMBIDAE) AO ORGANOFOSFORADO METAFÓS

**Cláudia Regina das Neves Saez, Maria Claudia Cola Ruvulo Takasusuki,
Paulo Henrique Marquiori Visacre**

Universidade Estadual de Maringá, Departamento de Biologia Celular e Genética - DBC. Av. Colombo, nº 5790, Maringá (PR), Cep: 87020-900. e-mail: cloursaez@hotmail.com

Diatraea saccharalis, conhecida como broca-da-cana, é uma praga que afeta a cultura da cana-de-açúcar. Esta praga além de diminuir a produtividade agrícola, e ainda causa problemas de fermentação nas usinas sucroalcooleiras. A infestação por *D. saccharalis* pode ser controlada utilizando agroquímicos, mas a aplicação de certos inseticidas pode levar a alterações na expressão de isozimas, dentre elas as esterases. Tal alteração poderá ser mantida nas gerações futuras da broca-da-cana promovendo a resistência desses insetos. Assim, o objetivo deste trabalho foi desenvolver estudos com concentrações subletais do inseticida metafós (organofosforado) e analisar a expressão das esterases de *D. saccharalis* para identificar possíveis alterações na sua atividade. O desenvolvimento do estudo foi realizado com larvas de *D. saccharalis* mantidas em laboratório de criação (DBC/UEM). Os bioensaios foram montados com larvas do 2º ao 5º instar, com diferentes concentrações subletais de metafós (0,01%; 0,1%; 0,25%; 0,5%; 0,75%; 1% e 10%). Após um período de 24 horas em que as lagartas ficavam em contato com o inseticida, as sobreviventes eram contadas, sacrificadas e submetidas à eletroforese PAGE para esterases. Após a visualização das bandas, foi realizada a comparação entre o grupo de animais controle e contaminados, para detectar alterações na atividade relativa das esterases. Em todos os instars foi observada uma mortalidade em torno de 6,7% mostrando alta resistência a este inseticida. Não foram detectadas alterações na atividade relativa das esterases em todos os instars analisados. Como *D. saccharalis* vem sendo submetida há longo tempo ao controle químico, apresenta resistência a vários inseticidas como o organofosforado metafós, portanto, a utilização deste não terá resultados no controle dessa praga.

**ANÁLISE ELETROFORÉTICA DE PROTEÍNAS EM *Diatraea saccharalis*
(LEPIDOPTERA: CRAMBIDAE) CONTAMINADAS COM O
ORGANOFOSFORDADO METAFÓS**

Cláudia Regina das Neves Saez, Maria Claudia Cola Ruvulo Takasusuki

Universidade Estadual de Maringá, Departamento de Biologia Celular e Genética - DBC. Av. Colombo, nº 5790, Maringá (PR), Cep: 87020-900. e-mail: cloursaez@hotmail.com

A cana-de-açúcar é uma cultura de extrema importância para a economia brasileira e é afetada pela *Diatraea saccharalis* conhecida como broca-da-cana. Esta praga faz com que haja uma diminuição na produtividade agrícola, e também causa problemas de fermentação nas usinas de álcool e açúcar. A infestação por *D. saccharalis* pode ser controlada utilizando o controle biológico e o controle químico (realizado através de inseticidas e pesticidas). A aplicação de certos inseticidas pode levar a alterações na expressão de proteínas solúveis, as quais poderão ser mantidas nas gerações futuras da broca-da-cana, promovendo a resistência desses insetos. Assim, o objetivo deste trabalho foi desenvolver estudos com concentrações subletais do inseticida metafós (organofosforado) e analisar alterações na expressão das proteínas solúveis de *D. saccharalis*. O desenvolvimento do estudo foi realizado com larvas de *D. saccharalis* mantidas em laboratório de criação (DBC/UEM). Os bioensaios foram montados com larvas do 2º ao 5º instar com diferentes concentrações subletais de metafós (0,01%; 0,1%; 0,25%; 0,5%; 0,75%; 1% e 10%). Após um período de 24 horas em que as lagartas ficavam em contato com o inseticida, as sobreviventes eram contadas, sacrificadas e submetidas à eletroforese SDS-PAGE e coloração com nitrato de prata. Após a visualização das bandas, foi realizada a comparação entre o grupo de animais controle e contaminados, para detectar a presença ou ausência de peptídeos. Em todos os instars foi observada uma mortalidade em torno de 6,7%, mostrando alta resistência a este inseticida. Não foram detectadas alterações na quantidade de bandas presentes no controle e contaminados, em todos os instars analisados. Esses resultados permitem sugerir que a exposição ao organofosforado metafós não alterou a expressão dos peptídeos presentes em cada um dos instars analisados.

**PADRONIZAÇÃO DAS CONDIÇÕES DE ESTUDO DE ESTERASES EM
Cattleya forbesii e *Schomburgkia crispa* (ORCHIDACEAE)**

**Paulo Henrique Marquiori Visacre, Leticia Oliveira Claudino, Betty Cristiane Kuhn,
Claudete Aparecida Mangolin, Maria de Fátima Pires da Silva Machado**

Universidade Estadual de Maringá, Departamento de Biologia Celular e Genética - DBC. Av. Colombo, nº 5790, Maringá (PR), Cep: 87020-900. e-mail: paulo@visafer.com.br

Orquídeas são plantas ornamentais muito apreciadas, apresentando grande valor comercial. Este grupo é de difícil germinação havendo necessidade do contato com micorrizas. Uma forma de aumentar a produção de mudas, e conservar espécies ameaçadas de extinção, é a micropropagação ou propagação “in vitro”. Esta propagação promove alterações genéticas denominadas variações somaclonais, e uma forma de monitorar estas alterações, em orquídeas, é avaliar suas isozimas. Na literatura não foram encontrados protocolos de extração e fracionamento de isozimas esterases de orquídeas em gel de poliacrilamida. Assim, este trabalho teve como objetivo adequar técnica para identificar *loci* para α e β -esterases e seus alelos. A análise da frequência dos alelos nos *loci* poderá estimar a variabilidade genética em populações de espécies de orquídeas. Plantas de *Cattleya forbesii* e *Schomburgkia crispa*, crescidas em meio de cultura, com aproximadamente 1cm de comprimento foram maceradas com solução de extração contendo tampão fosfato 1,0M pH 7,0, PVP-40 5%, EDTA 1,0mM, β -mercaptoetanol 0,5% glicerol 10%, variando o PVP-40 para 7,5%. Plântulas foram maceradas inteiras, raízes ou parte aérea, separadamente, com 20 μ L da solução de extração, e centrifugadas por 30 minutos com 14.000r.p.m. em 4°C. Para o fracionamento das isoesterases foram utilizados géis de poliacrilamida 12 e 13%, 45 μ L do sobrenadante das amostras foi aplicado em cada poço. Para os eletrodos, foi utilizado tampão Tris-glicina 0,1M, pH8,3. Para os géis a 12% o fracionamento foi realizado por 5 horas e para 13% o fracionamento foi por 6:30 horas, a migração foi realizada com 200V. O melhor fracionamento de esterases foi realizado em gel de poliacrilamida 13% por 6:30 horas. A melhor condição de extração para as isoesterases foi com solução de extração preparada com PVP-40 5% e quando a extração foi realizada da planta inteira. Utilizando estas condições foi possível identificar 13 esterases para *C. forbesii* e 12 para *S. crispa*.

**ANÁLISE CITOGENÉTICA DE *Hypostomus ancistroides* (SILURIFORMES:
LORICARIIDAE) DA BACIA DO RIO PIRACICABA**

**Ana Camila Prizon¹, Suzana de Paiva¹, Cláudio H. Zawadzki^{1,2}, Erasmo Renesto¹,
Isabel Cristina Martins-Santos¹**

Universidade Estadual de Maringá, ¹Departamento de Biologia Celular e Genética / ²Nupelia. Av. Colombo, nº 5790, Maringá (PR), Cep: 87020-900. e-mail: anacamilaprizon@hotmail.com

Os loricarídeos, conhecidos popularmente como cascudos, apresentam geralmente hábito bentônico, tendo como característica básica o corpo coberto por placas ósseas e uma boca na região ventral desenvolvida na forma de ventosa. O gênero *Hypostomus* possui uma sistemática confusa, devido principalmente, a uma ampla variação na sua morfologia e padrão de coloração. Estudos citogenéticos têm sido utilizados como ferramentas auxiliares na identificação de espécimes de *Hypostomus*, bem como em análises de variabilidade cromossômica. As espécies analisadas para este grupo têm mostrado variações interpopulacionais, indicando tratar-se de um complexo de espécies. Desta forma, este estudo propõe a caracterização citogenética de *H. ancistroides* da localidade-tipo para posterior comparação com indivíduos de outras localidades, afim de detectar possíveis diferenças cariotípicas que permitam sugerir a presença de entidades taxonômicas distintas. Assim, espécimes de *H. ancistroides* (n=9) foram coletados no córrego Jurumirim (Tatuí-SP), afluente do rio Tatuhy, bacia do rio Piracicaba, para análise dos cromossomos mitóticos pela técnica “air drying” e para estudo da região organizadora do nucléolo (RON) pela técnica de impregnação pelo nitrato de prata (Ag-RON). A heterocromatina constitutiva foi detectada pela técnica de bandeamento C. Os cromossomos foram identificados e classificados de acordo com os critérios de relação de braços. A análise convencional, com Giemsa, mostrou cariótipo com 2n=68 cromossomos, NF=110 e fórmula cariotípica de 14m+22sm+6st+26a. Em relação à NOR foi observada a presença de marcações no braço curto de dois pares de cromossomos, caracterizando um sistema de NOR múltiplas, sendo um par submetacêntrico e de um provável par metacêntrico. O padrão de banda C mostrou pequenos blocos heterocromáticos em posições pericentroméricas, teloméricas e intersticiais. Os estudos com *H. ancistroides* da localidade-tipo evidenciaram uma variação cromossômica entre as populações analisadas até o presente trabalho, corroborando assim, com a existência de um possível complexo de espécies.

Apoio: CNPq

INVESTIGAÇÃO DOS EFEITOS MUTAGÊNICOS DO LEGUME CENOURA (*Daucus carota* L.) EM RATOS WISTAR

Maria Amália da Silva, Ana Carolina Coelho, Veronica Elisa Pimenta Vicentini

Universidade Estadual de Maringá, Departamento de Biologia Celular e Genética. Av. Colombo, nº 5790, Maringá (PR), Cep: 87020-900. e-mail: mariaamaliadasilva@yahoo.com.br.

A mutação é a fonte básica de toda variabilidade genética. Entretanto, se elas ocorrerem com alta frequência, desestabilizarão a transmissão da informação genética de uma geração para outra. A cenoura, *Daucus carota* L., é uma hortaliça rica em nutrientes e está sempre presente na dieta alimentar da maioria da população brasileira, apresentando propriedades como: diurética, reguladora das funções digestivas, fluidificante da bÍlis, estimuladora do peristaltismo e cicatrizadora de feridas entre outras. Devido ao grande uso da cenoura na dieta alimentar da população, este trabalho teve como objetivo analisar o possível efeito mutagênico da mesma, em nível cromossômico e sobre o ciclo de divisão celular, usando como sistema teste as células de medula óssea de ratos Wistar, tratados *in vivo* via gavagem. Para isto foram utilizados seis animais, três machos e três fêmeas, para os grupos controle negativo (utilizando-se 1mL de água/100g p.c. (peso corpóreo), via gavagem por 24h), controle positivo (utilizando-se aplicações intraperitoneais, por 24h, de ciclofosfamida, na concentração de 1,5mg/1mL H₂O/100g p.c.) e grupos tratados com a solução de cenoura (nas concentrações de [1]=100g, [2]=50g e [3]=25g por 1mL de água, via gavagem por 24h). Os animais foram sacrificados e com as células de sua medula óssea foram elaboradas lâminas para análise cromossômicas em microscópio óptico, avaliando o aparecimento de alterações como *gaps*, quebras, fragmentos e outros. Foram analisadas 100 metáfases por animal, totalizando 600 por grupo controle e tratamento, sendo o cálculo estatístico realizado pelo teste do qui-quadrado ($\alpha=0,05$). Os índices mitóticos de 5.000 células por sexo, totalizando 10.000 células por grupo, foram calculados. Através da análise dos resultados, pode-se concluir que todas as soluções tratamento contendo cenoura não induziram atividade mutagênica e nem citotóxica no tecido da medula óssea de ratos Wistar.

PIC – UEM.

EFEITO DO MEIO DE CULTURA, COM GLICOSE CAMELIZADA, SOBRE A GERMINAÇÃO DE CONÍDIOS DE *Aspergillus nidulans*

Juliana Raquel Scoz, Lívia Maria de Castro Penna, Michelle Alves Macena de Lacerda, Rodrigo Factori, Carmem Lucia de Mello Sartori Cardoso da Rocha

Universidade Estadual de Maringá, Departamento de Biologia Celular e Genética. Av. Colombo, nº 5790, Maringá (PR), Cep: 87020-900. e-mail: juscoz87@hotmail.com

O fungo filamentosso *Aspergillus nidulans* é muito utilizado como modelo em diferentes áreas da Genética do Desenvolvimento. Embora seja um eucarioto inferior, apresenta um sofisticado sistema de regulação genética da morfogênese. Embora seja coordenada geneticamente, a ativação da germinação responde a fatores ambientais como oxigênio, temperatura, disponibilidade de água e, ao contrário da germinação de sementes, também à composição nutricional do meio de cultura. Quando um meio de cultura é autoclavado, ocorre a caramelização de parte da glicose, resultando em moléculas inacessíveis ao fungo. O caramelo é um aditivo químico bastante utilizado na indústria alimentícia, sendo produto da pirólise controlada da glicose. O grande emprego do caramelo na indústria e consequentemente o alto consumo, agravado pela publicação de alguns trabalhos indicando um potencial mutagênico deste aditivo, tornam muito relevantes os estudos que busquem esclarecer os seus diversos efeitos. O objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito da glicose caramelizada, no meio de cultura, sobre a germinação de conídios da linhagem *biA1methG1* de *Aspergillus nidulans*. Os conídios foram inoculados em meio submetido a três autoclavações consecutivas, e incubados por 2, 4, 6 e 8 horas a 37°C. As leituras foram feitas em duplicata, com contagem de 200 conídios em cada lâmina. Foi possível verificar um atraso do desenvolvimento da germinação dos conídios em meio caramelizado, em comparação com o controle. Este atraso ocorreu na fase de embebição e na fase de botão germinativo. É possível que a demora que ocorreu na embebição seja devido à baixa concentração de glicose disponível no meio e a que ocorreu na fase de botão, seja resultado de dificuldade em iniciar o ciclo celular. O aumento na porcentagem de conídios mortos e germinados malformados indica um efeito mutagênico da glicose caramelizada sobre o desenvolvimento de conídios de *Aspergillus nidulans*.

ANÁLISE DO DESENVOLVIMENTO DO CICLO SEXUAL DE LINHAGENS NORMAIS E MUTANTES DE *Aspergillus nidulans*

Rafael Augusto Moreira Martinelli, Carmem Lúcia de M. S. Cardoso da Rocha

Universidade Estadual de Maringá, Departamento de Biologia Celular e Genética. Av. Colombo, nº 5790, Maringá (PR), Cep: 87020-900. e-mail: rammartinelli@hotmail.com

Emmericella (= *Aspergillus*) *nidulans* é um fungo filamentososo cuja reprodução ocorre em dois diferentes momentos do ciclo de vida da colônia: a conidiogênese ou ciclo assexual, que produz conídios, e ascospogênese ou ciclo sexual, que produz ascósporos. Alguns trabalhos têm demonstrado que fatores genéticos e ambientais, que favorecem a conidiogênese, dificultam o desenvolvimento sexual, e que o contrário também acontece. O objetivo do presente trabalho foi analisar o efeito do tipo de inóculo no desenvolvimento do ciclo sexual de 05 diferentes linhagens de *A. nidulans*. Estas foram inoculadas em meio completo sólido e o inóculo feito a partir de seus conídios ou a partir de ascósporos, sendo as observações realizadas após 10 dias de incubação a 37°C. Para as linhagens *biAlmethG1* e CLB3, as condições experimentais fornecidas não ativaram seu ciclo sexual, não havendo diferenças na produção de cleistotécios e portanto, não puderam ser avaliadas neste estudo, ao contrário das demais linhagens analisadas. As linhagens G422, CLC100 e MSE tiveram um número maior de cleistotécios, por centímetro quadrado, nas placas com inóculo de ascósporos do que nas placas com inóculo de conídios. Estes resultados indicam que durante o ciclo de esporulação, os genes dos conídios estão programados para que a colônia desenvolva, preferencialmente, o ciclo assexual. Da mesma forma, os genes dos ascósporos estão programados para que a colônia desenvolva rapidamente o ciclo sexual, quase suprimindo o estágio inicial de conidiogênese.

**EFEITO DO MEIO DE CULTURA, COM ALTA CONCENTRAÇÃO DE GLICOSE,
SOBRE A GERMINAÇÃO DE CONÍDIOS DE *Aspergillus nidulans***

**Daniela Granella Gomes Guidoti, David Teixeira Guidoti, Michelle Alves Macena de
Lacerda, Rodrigo Factori, Carmem Lúcia de Mello Sartori Cardoso da Rocha**

Universidade Estadual de Maringá, Pós-Graduação em Biologia Comparada. Av. Colombo, nº
5790, Maringá (PR), Cep: 87020-900. e-mail: danielaguidoti@msn.com

Entre os fungos filamentosos, o ascomiceto *Aspergillus nidulans*, constitui um excelente sistema teste para estudos científicos, incluindo ensaios de: recombinação gênica, reparo do DNA, mutação, controle do ciclo celular, patogênese, metabolismo e desenvolvimento. A germinação de conídios, é regulada geneticamente e responde a fatores ambientais como oxigênio, umidade, temperatura e nutrientes. O objetivo do presente trabalho foi avaliar o efeito da alta concentração de glicose, no meio de cultura, sobre a germinação de conídios deste fungo. Foram coletados conídios de uma colônia de cinco dias da linhagem *biA1methG1*, em 1mL de solução a 0,01% de Tween 80. O controle foi inoculado em Meio Completo (MC) líquido (1% de glicose) e o tratamento, em MC líquido com 2% de glicose. As leituras foram realizadas com 2, 4, 6 e 8 horas de incubação a 37°C, e analisadas duas lâminas do controle e do tratamento, em cada tempo, sendo contados 200 conídios em cada amostra, e quantificados em relação às fases da germinação (dormente, embebido, botão, tubo). Em 2 horas, o MC a 2% de glicose promoveu uma moderada aceleração na embebição dos conídios em relação ao controle. Porém, houve um moderado retardo nas demais fases da germinação. Foi constatado o dobro do número de conídios malformados no tratamento, em relação ao controle, mas o número de conídios mortos, com 8 horas, foi igual nos dois grupos, indicando que não houve mutagenicidade. Sendo assim, o elevado número de conídios malformados em meio com alta concentração de glicose, pode ser explicado por interferência na expressão gênica, ou em algum mecanismo importante no crescimento polarizado.

**ANÁLISE CITOLÓGICA E GENÉTICA DO EFEITO DA CARÊNCIA DE
OXIGÊNIO NO DESENVOLVIMENTO DA CONIDIOGÊNESE EM
*Aspergillus nidulans***

Fabio dos Santos Barros, Carmem Lucia de Mello Sartori Cardoso da Rocha

Universidade Estadual de Maringá, Departamento de Biologia Celular e Genética. Av. Colombo, nº 5790, Maringá (PR), Cep: 87020-900. e-mail: fabinhu_ng@hotmail.com

O fungo filamentosso *Aspergillus nidulans* possui um ciclo de vida de 3 fases: vegetativa, assexuada (conidiogênese) e sexuada (ascoporogênese). Embora sejam controladas geneticamente, todas as fases são influenciadas por fatores ambientais, como oxigênio, luz e osmolaridade. O objetivo deste trabalho foi analisar o efeito da carência de oxigênio na conidiogênese de linhagens normais e mutantes de *A. nidulans*. Foram analisadas cinco linhagens: MSE, *biA1methG*, G324, CLB3 e CLC100. Os conídios foram inoculados por cinco diferentes métodos que provocavam carência de oxigênio. As colônias foram cultivadas em meio completo, a 37°C por 10 dias. Foram analisados o crescimento da colônia, quantidade de esporulação e de estruturas do ciclo sexual que evidenciam, de forma indireta, o desenvolvimento da conidiogênese. Observou-se que o inóculo de esporos em meio líquido, seguido da vedação das placas foi a forma mais eficiente para diminuir significativamente a quantidade de estruturas do ciclo assexual e acelerar a produção de estruturas do ciclo sexual. Nas placas sem vedação, houve resposta quanto a diferença de quantidade de meio de cultura na placa, mostrando que as trocas gasosas da placa de petri com o ambiente não é livre como se assume, via de regra, em experimentos em meio sólido. As diferentes condições, de inóculo e cultivo, resultaram em respostas mais acentuadas em algumas linhagens do que em outras, indicando que a resposta a fatores ambientais é mediada por fatores genéticos, o que deve ser analisado em futuros trabalhos.

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE FEIJÃO-VAGEM MEDIANTE A UTILIZAÇÃO DE MARCADORES MOLECULARES MICROSSATÉLITES

**Willian Luiz da Cunha, Carlos Alberto de Bastos Andrade,
Aline Maria Orbolato Gonçalves, Luana Mieko Darben, Adriana Gonela**

Universidade Estadual de Maringá, Pós Graduação em Genética e Melhoramento. Av. Colombo, nº 5790, Maringá (PR), Cep: 87020-900. e-mail: luanadarben@uol.com.br

O feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.), pertencente à família Fabaceae e difere do feijoeiro comum por ser uma hortaliça que fornece vagens imaturas, além do seu porte, área foliar, altura, ciclo, hábito de crescimento e produtividade. Os marcadores moleculares permitem caracterizar e determinar a diversidade genética existente dentro e entre as espécies vegetais, e marcadores do tipo microsatélite têm se mostrado muito eficientes em estudos de diversidade genética na espécie *P. vulgaris*. O presente trabalho objetivou avaliar a diversidade genética entre 32 acessos de feijão-vagem pertencentes ao Banco de Germoplasma da Universidade Estadual de Maringá (UEM), mediante a utilização de marcadores moleculares microsatélites. Os 32 acessos de feijão-vagem (UEM/FVI-1; UEM/FVI-2; UEM/FVI-3; UEM/FVI-4; UEM/FVI-5; UEM/FVI-6; UEM/FVI-7; UEM/FVI-8; UEM/FVI-18; UEM/FVI-29; UEM/FVI-30; UEM/FVI-32; UEM/FVI-33; UEM/FVI-35; UEM/FVI-36; UEM/FVI-37; UEM/FVI-38; UEM/FVI-39; UEM/FVI-42; UEM/FVI-43; UEM/FVI-44; UEM/FVI-45; UEM/FVI-46; UEM/FVI-47; UEM/FVI-48; UEM/FVI-49; UEM/FVI-50; UEM/FVI-51; UEM/FVI-52; UEM/FVI-53; UEM/FVI-54 e UEM/FVI-55) foram plantados em condições de casa de vegetação para multiplicação de linhas puras. A extração do DNA foi realizada de acordo com a metodologia proposta por Afanador et al. (1993), e para as análises estatísticas foram utilizados os programas GenAIEx 6.1 (Peakall e Smouse, 2006), Cervus 3.0.3 (Marshall et al., 1998) e o programa TFGPA versão 1.3 (Miller, 1997). Os acessos avaliados apresentaram um índice de 2 a 87% de divergência genética. Os mais similares foram o UEM-FVI-36 e UEM-FVI-37. Por sua vez, a maior dissimilaridade foi observada entre os acessos UEM-FVI-42 e UEM-FVI-49. Portanto, esses acessos são considerados potenciais fontes de variabilidade que poderá vir a ser explorada em programas de melhoramento genético de feijão-vagem.

Apoio: Capes, UEM, PGM

CERTIFICAÇÃO DE CRUZAMENTOS EM POPULAÇÕES F₁ DE FEIJOEIRO COMUM MEDIANTE UTILIZAÇÃO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES

**Luana Miekó Darben, Adriana Gonela, Maria Celeste Gonçalves Vidigal,
Giselly Figueiredo Lacanallo, Aline Maria Orbolato Gonçalves**

Universidade Estadual de Maringá, Pós Graduação em Genética e Melhoramento. Av. Colombo, nº 5790, Maringá (PR), Cep: 87020-900. e-mail: luanadarben@uol.com.br

A caracterização de genótipos é convencionalmente realizada por meio de descritores morfológicos herdáveis, de preferência dominantes e facilmente identificados, mas que podem ser influenciados pelo ambiente. A utilização de marcadores moleculares tais como os microssatélites, pode auxiliar na caracterização de cruzamentos, principalmente quando algum fator ambiental interfere na expressão dos descritores morfológicos, permitindo assim a distinção entre híbridos e linhagens puras. Diante disso o presente trabalho objetivou certificar os cruzamentos em populações F₁ de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.), utilizando marcadores moleculares microssatélites. As populações F₁ oriundas dos cruzamentos entre Crioulo-159 x Michigan Dark Red Kidney, Crioulo-159 x México 222, Crioulo-159 x Jalo Listras Pretas, Crioulo-159 x Pitanga e Crioulo-159 x Corinthiano, foram cultivadas em casa de vegetação. Os folíolos foram coletados (estádio V₃) e após a extração do DNA total, as amostras foram submetidas à análise de PCR utilizando-se os marcadores microssatélites BMd-36 e BMd-45. A população F₁ de Crioulo-159 x Michigan Dark Red Kidney, composta por 15 indivíduos, foi analisada com o marcador BMd-36 identificando-se 14 híbridos (93%). Na população de Crioulo-159 x México 222, formada por 11 indivíduos, quando analisada com o marcador BMd-45 identificou-se a presença de sete híbridos (63,7%). Na população Crioulo-159 x Jalo Listras Pretas, dos 10 indivíduos analisados com o marcador BMd-45, todos eram híbridos. Na população Crioulo-159 x Pitanga, constituída por 11 indivíduos, a análise com o marcador BMd-45, identificaram-se cinco híbridos (45,5%). Por fim, na população Crioulo-159 x Corinthiano, dos 14 indivíduos analisados, com o marcador BMd-45, todos eram híbridos. Diante disso podemos concluir que a certificação de cruzamentos, por meio de marcadores moleculares, é uma importante ferramenta que pode ser utilizada para auxiliar Programas de Melhoramento Genético, uma vez que elimina a ocorrência de linhas puras na condução de populações segregantes.

Apoio: Capes, UEM, PGM

AVALIAÇÃO DAS PROTEÍNAS SOLÚVEIS EM LAGARTAS DE *Diatraea saccharalis* (LEPIDOPTERA, CRAMBIDAE) EXPOSTAS A INSETICIDA FISIOLÓGICO

Aline Ribeiro Bronzato e Maria Claudia Colla Ruvolo Takasusuki

Universidade Estadual de Maringá, Departamento de Biologia Celular e Genética. Av. Colombo, nº 5790, Maringá (PR), Cep: 87020-900. e-mail: lili_bronzato@hotmail.com

As brocas do gênero *Diatraea*, como a *D. saccharalis*, são consideradas como as principais pragas da cana-de-açúcar. Conhecida popularmente como broca da cana-de-açúcar é encontrada em todo o Brasil, infestando várias plantações e provocando, na maioria das vezes, grandes perdas econômicas. Devido à importância econômica desta cultura no país, bem como no Estado do Paraná, e a utilização de inseticidas fisiológicos para o controle integrado deste inseto-praga, esse estudo teve como objetivo avaliar as alterações ocorridas na expressão de proteínas solúveis presentes em larvas de *D. saccharalis* após a contaminação com inseticida fisiológico. O bioensaio foi montado com 25 larvas, do primeiro instar, para cada concentração de Triflumuron (25%, 50% e 100%), utilizando 1mL do inseticida em papel de filtro e dieta artificial por sete dias. As sobreviventes foram contadas, sacrificadas e submetidas à análise eletroforética SDS-PAGE (Sodium Dodecyl Sulphate-Polyacrylamide Gel Electrophoresis) e coloração com nitrato de prata. Nas concentrações de 50% e 100% não foi observada alteração na expressão das proteínas. Enquanto que em 25% foi identificada maior quantidade de proteínas totais nos extratos de larvas. Foi observado também que as larvas sobreviventes realizaram a muda no período adequado. Dessa maneira, a alteração detectada nas eletroforeses provavelmente estaria associada com aumento na síntese de proteínas que impediria a mudança de instar.

**AValiação da Expressão Gênica em Lagartas de *Diatraea saccharalis*
(LEPIDOPTERA, CRAMBIDAE) submetidas à Contaminação com o
Fungo *Metarhizium anisopliae***

**Aline Ribeiro Bronzato, Ravelly Casarotti Orlandelli,
Maria Claudia Colla Ruvolo Takasusuki, João Alencar Pamphile**

Universidade Estadual de Maringá, Departamento de Biologia Celular e Genética. Av. Colombo, nº 5790, Maringá (PR), Cep: 87020-900. e-mail: lili_bronzato@hotmail.com

Apesar da grande contribuição dos insetos para a perpetuação do ecossistema, estes podem causar sérios danos para uma cultura, atuando como parasitas destas. *Diatraea saccharalis*, em seu estágio larval, traz prejuízos para a cana-de-açúcar, causando tanto danos diretos, como a predação, quanto indiretos, como perda de qualidade da matéria-prima desta planta. Devido à grande importância econômica da cana-de-açúcar e seus subprodutos para o comércio nacional e internacional, assim como sua crescente produção no Estado do Paraná, é importante a conservação da qualidade das plantações, para um melhor desempenho de seus produtos finais. Os métodos mais utilizados para o controle deste inseto-praga são os inseticidas, substâncias químicas que trazem sérios prejuízos ao meio ambiente e conseqüentemente, ao homem. Uma medida alternativa para controle da *D. saccharalis* é a utilização de controladores biológicos, tais como o fungo basidiomiceto *Metarhizium anisopliae*, que possui ação bastante conhecida e distribuição global, ocorrendo em diferentes regiões, desde ambientes de clima temperado até clima tropical. O objetivo deste trabalho foi avaliar as alterações ocorridas na expressão de esterases e proteínas totais de *D. saccharalis* após a infecção com o fungo *M. anisopliae*, bem como diferentes expressões isoenzimáticas. Para tanto, larvas de *D. saccharalis*, do terceiro instar, foram infectadas com conídios de *M. anisopliae* e analisadas nas primeiras 24, 48 e 72 horas. As sobreviventes foram sacrificadas e submetidas à análise eletroforética - Eletroforese PAGE (Polyacrylamide Gel Electrophoresis) e SDS-PAGE (Sodium Dodecyl Sulphate-Polyacrylamide Gel Electrophoresis). Após a análise, foi possível observar que as alterações ocorridas não foram significativamente diferentes, quando comparadas com o controle. Assim esses dados indicam que nas primeiras 72 horas a infecção pelo fungo não alterou a expressão de isoenzimas da lagarta, entretanto, estudos complementares estão sendo realizados com tempos maiores de infecção.

AVALIAÇÃO DA EFICIÊNCIA DA GERMINAÇÃO DOS ESPOROS, EM COLÔNIAS COM DIFERENTES IDADES, DE *Aspergillus nidulans*

Rodrigo Factori, Suelen Mendes Leles, Carmem Lucia M.S.C. Rocha

Universidade Estadual de Maringá, Departamento de Biologia Celular e Genética. Av. Colombo, nº 5790, Maringá (PR), Cep: 87020-900. e-mail: suelenleles@hotmail.com

Aspergillus nidulans é um ascomiceto filamentosos, utilizado como modelo para estudos de Genética, cujo ciclo de vida compreende três fases distintas: o ciclo vegetativo, a conidiogênese e a ascoporogênese. A fase vegetativa inicia-se com a germinação do esporo, compreendendo uma sequência de eventos morfogênicos e metabólicos regulados por grande número de genes. O objetivo deste trabalho foi avaliar a influência da idade das colônias no potencial de germinação dos esporos. O controle foi feito com conídios de colônias crescidas em meio completo, por cinco dias, a 37°C. Os conídios velhos foram coletados de colônias com 15 dias. Os conídios foram coletados, inoculados em meio completo líquido e, a seguir, analisadas as fases da germinação e a viabilidade dos esporos, ao microscópio óptico, nos tempos de 2, 4, 6 e 8 horas após o inóculo. Foram analisadas 2 lâminas de cada tempo, para o controle e cada tratamento. Em cada análise foram observados 200 conídios, determinando-se as fases de germinação (dormente, embebido, com botão e com tubo germinativo). Ao final de 8 horas, foi determinada a porcentagem de conídios mortos e malformados. Os conídios velhos tiveram um atraso na germinação em todas as fases. O número de mortos foi significativamente maior que no controle e a porcentagem de malformados foi ligeiramente menor que o controle. Este resultado pode indicar que a idade avançada restringe, de maneira mais drástica, a germinação de esporos imperfeitos.

**AVALIAÇÃO DO EFEITO DO ETANOL NA GERMINAÇÃO DE ESPOROS DE
*Aspergillus nidulans***

Suelen Mendes Leles, Rodrigo Factori, Carmem Lucia M.S.C. Rocha

Universidade Estadual de Maringá, Departamento de Biologia Celular e Genética. Av. Colombo, nº 5790, Maringá (PR), Cep: 87020-900. e-mail: suelenleles@hotmail.com

Aspergillus nidulans é um ascomiceto filamentosos, utilizado para estudos de Genética de Microorganismos e Genética do Desenvolvimento. Seu ciclo de vida compreende três fases distintas: ciclo vegetativo, conidiogênese e ascopogênese. A fase vegetativa inicia-se com a germinação do esporo, constituindo uma sequência de eventos morfogênicos e metabólicos que, embora respondam a fatores ambientais, são regulados por grande número de genes. O objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito de pequenas concentrações de etanol na germinação dos conídios. Conídios de colônias da linhagem *biA1methG1* crescidas em meio completo por cinco dias a 37°C foram coletados e inoculados em meio completo líquido com álcool em duas concentrações (0,22% e 2,12%). Foram analisadas as fases da germinação e a viabilidade dos esporos, ao microscópio óptico, nos tempos de 2, 4, 6 e 8 horas após o inoculo, sendo analisadas 2 lâminas de cada tempo, para o controle e cada tratamento. Em cada análise foram observados 200 conídios, determinando-se as fases de germinação (dormente, embebido, com botão e com tubo germinativo). Ao final de 8 horas, foi determinada a porcentagem de conídios mortos e malformados. As duas concentrações de etanol alteraram a velocidade de germinação. A viabilidade não foi alterada, mas houve um grande comprometimento do crescimento polarizado gerando mais da metade dos esporos germinados com malformação de tubo germinativo.

INFLUÊNCIA DOS EXTRATOS AQUOSOS DE *Pleurotus ostreatoroseus* E *Lentinula edodes* NA GERMINAÇÃO E SOBREVIVÊNCIA DE *Emericella* (= *Aspergillus*) *nidulans*

Marcela Funaki dos Reis, Carmem Lucia de Mello Sartori Cardoso da Rocha

Universidade Estadual de Maringá, Pós-graduação em Biologia Comparada. Av. Colombo, nº 5790, Maringá (PR), Cep: 87020-900. e-mail: mayumebio@gmail.com

Os cogumelos são alimentos funcionais que possuem a propriedade de promover a homeostase, por meio das atividades imunomodulatórias, antioxidantes, antimutagênicas e anti-cancerígenas. Neste trabalho foi avaliada a influência dos extratos aquosos de dois cogumelos sobre a germinação de conídios de *E. nidulans*. Conídios das linhagens normais e mutantes foram coletados e inoculados em meio completo (CO) e meio completo com extrato de *L. edodes* (EAL) ou extrato de *P. ostreatoroseus* (EAP), obtidos com água destilada e mantidos em repouso à temperatura ambiente. Em seguida, foram incubados a 37°C por 8 horas. A cada 2 horas, as duas lâminas de cada condição eram analisadas, e na última leitura, foi realizada uma estimativa de sobrevivência. A análise do desenvolvimento da germinação de *E. nidulans* mostrou diferenças significativas entre as linhagens de *E. nidulans* e os tratamentos com extratos aquosos de *L. edodes* e *P. ostreatoroseus*. Os tratamentos com os extratos aquosos de cogumelos mostraram uma aceleração da fase de embebição provavelmente, por serem capazes de ativar genes responsáveis por acelerar o metabolismo, e da fase de botão germinativo, por favorecer a ativação do ciclo celular. Houve retardo ou inibição da fase de formação de tubos. Este resultado pode estar relacionado à inibição da expressão de genes relacionados com o crescimento polarizado das hifas. Outra reposta foi o aumento no número de conídios mortos após 8 horas de observação, o que significa uma possível indução de mecanismo de apoptose de conídios com danos genéticos. Os resultados do presente trabalho indicam o potencial dos extratos de *L. edodes* e *P. ostreatoroseus* de atuação sobre os programas de desenvolvimento vegetativo de linhagens normais e mutantes de *E. nidulans*.

Apoio: Programa de Pós-graduação em Biologia Comparada

INFLUÊNCIA DOS EXTRATOS AQUOSOS DE *Pleurotus ostreatoroseus* E *Lentinula edodes* SOBRE O DESENVOLVIMENTO VEGETATIVO DE COLÔNIAS DE *Emericella* (=Aspergillus) *nidulans*

Marcela Funaki dos Reis, Carmem Lucia de Melo Sartori Cardoso da Rocha

Universidade Estadual de Maringá, Pós-graduação em Biologia Comparada. Av. Colombo, nº 5790, Maringá (PR), Cep: 87020-900. e-mail: mayumebio@gmail.com

Os extratos aquosos de cogumelos possuem a propriedade de modular o desenvolvimento de células eucarióticas, afim de promover a homeostase do organismo. Este trabalho avaliou a influência dos extratos aquosos de cogumelos sobre o desenvolvimento vegetativo de linhagens normais e mutantes de *Emericella* (=Aspergillus) *nidulans*. Os extratos aquosos foram obtidos através de extração em água destilada, em repouso, e mantidos à temperatura ambiente. Conídios das linhagens normais e mutantes foram coletados e inoculados em placas de Petri com meio completo (CO) e meio completo com extrato de *L. edodes* (EAL) ou extrato de *P. ostreatoroseus* (EAP). As análises foram realizadas diariamente pela verificação do diâmetro das colônias, e com estes dados, foi estimada a velocidade de crescimento vegetativo da colônia. A linhagem *biA1methG1* apresentou seu desenvolvimento retardado, assim como a linhagem CLB3, um mutante obtido a partir da linhagem *biA1methG1*, cuja resposta aos extratos dos cogumelos foi mais próxima a desta linhagem do que as das linhagens MSE e G422UV. Uma interpretação destes resultados pode ser de que CLB3 e *biA1methG1* não possuem os mesmos alelos estimuláveis pelos extratos dos cogumelos, como as outras duas linhagens. As linhagens MSE e G422UV responderam positivamente ao tratamento com os extratos, aumentando a velocidade de desenvolvimento significativamente, quando comparadas ao controle. O aumento ou diminuição de diâmetro não é obrigatoriamente, proporcional ao crescimento micelial, assim outros métodos devem ser aplicados para total confiabilidade dos resultados. Sendo assim, mais trabalhos precisam ser realizados para se determinar a atuação dos extratos aquosos de cogumelos sobre os programas de desenvolvimento genético em *E. nidulans*.

Apoio: Programa de Pós-graduação em Biologia Comparada.

Área Temática: Biologia Celular e Genética

**VARIABILIDADE GENÉTICA E ESTRUTURA DE POPULAÇÕES SILVESTRES
DE *Cereus peruvianus* MILL. (CACTACEAE)**

**Maria Clara da Silva Landim, Letícia Oliveira Claudino, Maycon Rodrigo Ruiz
Bevilaqua, Claudete Aparecida Mangolin, Maria de Fátima Pires da Silva Machado**

Universidade Estadual de Maringá, DBC, Av. Colombo, n. 5790, Maringá (PR), Cep: 87020-900. e-mail: leticia_claudino@hotmail.com

Cereus peruvianus conhecido no Brasil como mandacaru, encontrado em jardins e reservas vegetais de muitos países subtropicais, são plantas ornamentais com importância econômica e industrial. Em função da importância, a proposta deste trabalho foi caracterizar a variabilidade genética de plântulas crescidas de sementes de frutos de 5 diferentes acessos de *C. peruvianus*, coletados no município de Picos (Piauí) e comparar com a variabilidade genética avaliada para 14 acessos de Maringá, São Miguel do Iguazu e de São Pedro do Iguazu (Paraná). Foram avaliadas isozimas α - e β - esterases por meio do sistema PAGE (Polyacrilamide Gel Electrophoresis). Foram evidenciados 14 *loci*; para os acessos coletados em Picos e 5 caracterizados geneticamente (*Est-2*, *Est-4*, *Est-5*, *Est-6* e *Est-7*) com polimorfismo de 35,71%, para os do Paraná 6 *loci* (*Est-1*, *Est-4*, *Est-5*, *Est-6*, *Est-7* e *Est-14*) com polimorfismo de 42,85%. A análise das frequências genotípicas indica distorção na segregação para vários *loci*, as frequências destes não apresentam distribuição de acordo com o equilíbrio de Hardy-Weinberg, tanto para os acessos de Picos e Paraná, refletindo distúrbios provocados pela forma de multiplicação vegetativa e efeito do genótipo fundador. O valor médio de Fis tanto para a população de Pico como para a do Paraná foi negativo (-0,0191 e -0,0778 respectivamente) indicando excesso de heterozigotos para os *loci* estudados. A frequência diferencial de determinados alelos nos diferentes acessos determinou divergência genética moderada; para os acessos de Picos o Fst foi 0,1672 e do Paraná foi 0,2645. Apesar do comportamento para estrutura de populações ser semelhante para acessos de Picos e do Paraná, o comportamento de *locus* individuais é diferente, o *Est-2* que para os acessos do Paraná é monomórfico para os de Picos apresenta 4 alelos, diferenças como esta são mantidas, pois plantas com genótipos distintos foram selecionadas para ocupar as duas regiões biogeográficas diferentes.

Apoio: CNPq/UEM.