

ANÁLISE DE DADOS GERADOS POR SEQUÊNCIAS DE NUCLEOTÍDEOS DE SEGMENTO GÊNICO MITOCONDRIAL CITOCROMO B UTILIZANDO FERRAMENTAS DA BIOINFORMÁTICA (APOIO SANTANDER)

Aluna: Thais Fernanda Stort Zocal

Orientadora: Profa. Dra. Sandra Regina de Carvalho Marchesin

Curso: Ciências Biológicas

Campus: São José do Rio Preto

A determinação dos relacionamentos filogenéticos dentro de vertebrados gera controvérsias, em grande parte devido aos poucos registros fósseis. Além disso, muitas espécies apresentam uma rápida diversificação, o que dificulta as interpretações pelos estudiosos. A Biologia Molecular tem ajudado os taxonomistas e sistematas na obtenção de informações valiosas, que muitas vezes não são identificadas morfologicamente. O DNA fornece informações sobre a variação genética, que não são acompanhadas pela morfologia. O presente trabalho analisou sequências do segmento gênico mitocondrial citocromo b em espécies de morcegos das famílias Molossidae, Phyllostomidae e Emballonuridae, utilizando ferramentas da Bioinformática. No alinhamento de todos os indivíduos foi observada grande similaridade, mas também diferenças que comprovam as variações individuais de cada espécime dentro da espécie. Foi observado, também, a partir da análise da composição nucleotídica, que as nove espécies estudadas para a região “cytb” apresentaram maior conteúdo AT que GC, diferentemente do que geralmente se observa em genomas “estáveis” nos quais o conteúdo GC é maior; entretanto, como já descrito na literatura o gene mitocondrial é mais suscetível a eventos mutacionais. A análise do gene mitocondrial “cytb” foi capaz de discriminar as espécies nos seus devidos grupos taxonômicos diferenciando-as por família e gêneros tanto por NJ (Neighbour-Join) como por UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) e na análise de MP (Máxima Parcimônia) confirmam os

grupos formados, indicando que para este gene e para os táxons analisados, Molossidae apresenta-se como grupo irmão de Phyllostomidae.