



Normas para a submissão de trabalhos para a XIII SEMABIO/2018

1. Condições de Submissão

- As inscrições podem ser feitas a partir das 7h30min do dia 03/09/2018 até às 23h59min do dia 20/09/2018 por meio de mensagem enviada ao endereço eletrônico contatosemabio@gmail.com contendo nome completo, número de matrícula, curso e resumo para submissão nas normas que se seguem.
- Os trabalhos submetidos deverão abordar qualquer ramo da BIOLOGIA.
- Para submeter um resumo, o autor precisa estar inscrito na Semana da Biologia;
- Uma vez aceito, o resumo representa um compromisso definido do(s) autor(es) em apresentar o trabalho durante a semana;
- Só receberão o certificado de apresentação os(as) autores(as) que efetivamente estiverem presentes durante a exposição do pôster;
- Todos os resumos serão analisados por avaliadores indicados pela Comissão Científica. Compete à Comissão a seleção e avaliação dos trabalhos, recusando aqueles que não estiverem de acordo com as normas especificadas no item “Preparação do Resumo”;
- Os resumos devem representar uma contribuição para o desenvolvimento científico. Serão aceitos trabalhos descritivos (por exemplo, descrição de novos métodos de captura), teóricos, inventários de fauna, experimentos e outros tipos de estudos ecológicos envolvendo uma ou mais espécies.

2. Preparação do Resumo

- O resumo pode ser redigido em português ou inglês e deve conter: título, autores, afiliação, introdução, objetivos, material e métodos, resultados, discussão, conclusões e palavras-chave, tudo em texto (ver exemplo abaixo). A fonte a ser utilizada é o Times New Roman, tamanho 12, justificado, com espaçamento de 1,5 entre as linhas.
- Resumos submetidos com múltiplos erros ortográficos e gramaticais, em português ou inglês, serão rejeitados. O material a ser apresentado durante o congresso deve conter as informações descritas no resumo. O título, autores e conteúdo científico devem ser idênticos aos do resumo aprovado;



- O resumo inteiro deverá ter no máximo de 500 palavras;
- Serão aceitas, no máximo, cinco palavras-chave, separadas por vírgula.

3. Disposições Finais

A certificação se dará por trabalho e constará do título e o nome dos autores.

MODELO RESUMO XIII SEMABIO

Diferenciação entre dois citótipos de *Mazama americana* utilizando ferramentas filogenéticas

Douglas Jovino Luduvério (Universidade Estadual Paulista - FCAV Jaboticabal – NUPECCE), José Maurício Barbanti Duarte (Universidade Estadual Paulista - FCAV Jaboticabal – NUPECCE)

E-mail: douglas.luduverio@gmail.com

A espécie *Mazama americana*, devido à sua grande variabilidade citogenética e molecular, deve ser considerada como um complexo de espécies, sendo hoje classificada em cinco citótipos distintos no Brasil – Paraná, Juína, Rondônia, Acre e Carajás. O citótipo Paraná se destaca por apresentar diferenciação citogenética e molecular, além de possuir barreiras reprodutivas com os demais. Assim, apresenta uma grande possibilidade de ser elevada ao nível específico. O cariótipo tem sido o método mais consistente para diferenciação das variantes geográficas. Entretanto, a obtenção de células vivas para as técnicas citogenética são extremamente dificultadas pelos pífios índices de captura desta espécie nas áreas de ocorrência. Na tentativa de contribuir para a diferenciação dos citótipos, sem necessidade de captura, recorreremos a ferramentas moleculares e filogenéticas. Foi eleito o gene mitocondrial ND5 para testar sua capacidade de diferenciação entre dois citótipos próximos geograficamente, Paraná (N= 6) e Carajás (N=15), dos quais foi sequenciado o gene de aproximadamente duas mil pares de base (pb) a partir de três fragmentos, os quais foram concatenados com o programa bioedit, utilizando o modelo evolutivo obtido pelo J model test. Análise bayesiana foi realizada pelo programa beast, com 50 milhões de gerações, amostradas a cada cinco mil árvores, tendo como escolha um burn-in de 25% para a obtenção



da árvore final. O gene completo demonstrou uma probabilidade posterior próximo a 100% (0,9997) de suporte para o citótipo Paraná, o que evidencia a capacidade do gene para a diferenciação dos dois citótipos. Além disso, a primeira parte do gene de 654 pb obteve uma probabilidade posterior de aproximadamente 80% (0,8032), e o fragmento inicial do gene de 300 pb com uma probabilidade posterior de aproximadamente 77% (0,7692) de suporte para o citótipo Paraná, o que ainda se mantém dentro de valores aceitáveis de suporte para o clado. Com base no que foi exposto, concluímos que um fragmento de 300pb do gene ND5 possibilitaria a identificação das variantes de veado-mateiro, não sendo necessária a análise do gene por completo. Esse procedimento diminuiria o gasto total das análises e o tempo para que elas ocorram, além de existir a possibilidade de se utilizar amostras não invasivas, como fezes, podendo aumentar consideravelmente a obtenção de amostras.

Palavras-chave: ND5, Cervidae, veado mateiro.

Analice Calaça

Francisco Diogo Rocha

Rogério Faleiros

Comissão Científica

Jataí, 27 de agosto de 2018