

Benedito Rodrigues da Silva Neto
(Organizador)



Conceitos Básicos da Genética

Atena
Editora
Ano 2019

Benedito Rodrigues da Silva Neto
(Organizador)

Conceitos Básicos da Genética

Atena Editora
2019

2019 by Atena Editora
Copyright © Atena Editora
Copyright do Texto © 2019 Os Autores
Copyright da Edição © 2019 Atena Editora
Editora Executiva: Prof^a Dr^a Antonella Carvalho de Oliveira
Diagramação: Geraldo Alves
Edição de Arte: Lorena Prestes
Revisão: Os Autores

O conteúdo dos artigos e seus dados em sua forma, correção e confiabilidade são de responsabilidade exclusiva dos autores. Permitido o download da obra e o compartilhamento desde que sejam atribuídos créditos aos autores, mas sem a possibilidade de alterá-la de nenhuma forma ou utilizá-la para fins comerciais.

Conselho Editorial

Ciências Humanas e Sociais Aplicadas

Prof. Dr. Álvaro Augusto de Borba Barreto – Universidade Federal de Pelotas
Prof. Dr. Antonio Carlos Frasson – Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Prof. Dr. Antonio Isidro-Filho – Universidade de Brasília
Prof. Dr. Constantino Ribeiro de Oliveira Junior – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Prof^a Dr^a Cristina Gaio – Universidade de Lisboa
Prof. Dr. Deyvison de Lima Oliveira – Universidade Federal de Rondônia
Prof. Dr. Gilmei Fleck – Universidade Estadual do Oeste do Paraná
Prof^a Dr^a Ivone Goulart Lopes – Istituto Internazionele delle Figlie de Maria Ausiliatrice
Prof. Dr. Julio Candido de Meirelles Junior – Universidade Federal Fluminense
Prof^a Dr^a Lina Maria Gonçalves – Universidade Federal do Tocantins
Prof^a Dr^a Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Prof^a Dr^a Paola Andressa Scortegagna – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Prof. Dr. Urandi João Rodrigues Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará
Prof^a Dr^a Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande
Prof. Dr. Willian Douglas Guilherme – Universidade Federal do Tocantins

Ciências Agrárias e Multidisciplinar

Prof. Dr. Alan Mario Zuffo – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul
Prof. Dr. Alexandre Igor Azevedo Pereira – Instituto Federal Goiano
Prof^a Dr^a Daiane Garabeli Trojan – Universidade Norte do Paraná
Prof. Dr. Darllan Collins da Cunha e Silva – Universidade Estadual Paulista
Prof. Dr. Fábio Steiner – Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul
Prof^a Dr^a Girlene Santos de Souza – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia
Prof. Dr. Jorge González Aguilera – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul
Prof. Dr. Ronilson Freitas de Souza – Universidade do Estado do Pará
Prof. Dr. Valdemar Antonio Paffaro Junior – Universidade Federal de Alfenas

Ciências Biológicas e da Saúde

Prof. Dr. Benedito Rodrigues da Silva Neto – Universidade Federal de Goiás
Prof.^a Dr.^a Elane Schwinden Prudêncio – Universidade Federal de Santa Catarina
Prof. Dr. Gianfábio Pimentel Franco – Universidade Federal de Santa Maria
Prof. Dr. José Max Barbosa de Oliveira Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará

Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Profª Drª Raissa Rachel Salustriano da Silva Matos – Universidade Federal do Maranhão
Profª Drª Vanessa Lima Gonçalves – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Profª Drª Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande

Ciências Exatas e da Terra e Engenharias

Prof. Dr. Adélio Alcino Sampaio Castro Machado – Universidade do Porto
Prof. Dr. Eloi Rufato Junior – Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Prof. Dr. Fabrício Menezes Ramos – Instituto Federal do Pará
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Prof. Dr. Takeshy Tachizawa – Faculdade de Campo Limpo Paulista

Conselho Técnico Científico

Prof. Msc. Abrãao Carvalho Nogueira – Universidade Federal do Espírito Santo
Prof. Dr. Adaylson Wagner Sousa de Vasconcelos – Ordem dos Advogados do Brasil/Seccional Paraíba
Prof. Msc. André Flávio Gonçalves Silva – Universidade Federal do Maranhão
Prof.ª Drª Andreza Lopes – Instituto de Pesquisa e Desenvolvimento Acadêmico
Prof. Msc. Carlos Antônio dos Santos – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro
Prof. Msc. Daniel da Silva Miranda – Universidade Federal do Pará
Prof. Msc. Eliel Constantino da Silva – Universidade Estadual Paulista
Prof.ª Msc. Jaqueline Oliveira Rezende – Universidade Federal de Uberlândia
Prof. Msc. Leonardo Tullio – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Prof.ª Msc. Renata Luciane Polsaque Young Blood – UniSecal
Prof. Dr. Welleson Feitosa Gazel – Universidade Paulista

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) (eDOC BRASIL, Belo Horizonte/MG)
<p>C744 Conceitos básicos da genética [recurso eletrônico] / Organizador Benedito Rodrigues da Silva Neto. – Ponta Grossa (PR): Atena Editora, 2019.</p> <p>Formato: PDF Requisitos do sistema: Adobe Acrobat Reader. Modo de Acesso: World Wide Web Inclui bibliografia. ISBN 978-85-7247-421-4 DOI 10.22533/at.ed.214192106</p> <p>1. Genética – Estudo e ensino. 2. Genética e melhoramento. I. Silva Neto, Benedito Rodrigues da.</p> <p style="text-align: right;">CDD 576</p>
Elaborado por Maurício Amormino Júnior CRB6/2422

Atena Editora
Ponta Grossa – Paraná - Brasil
www.atenaeditora.com.br
contato@atenaeditora.com.br

APRESENTAÇÃO

Há exatos dezanove anos, mais precisamente na data de 21 de junho de 2000, um dos anúncios mais esperados nos últimos tempos pela comunidade científica era feito: simultaneamente nos Estados Unidos e em Londres o presidente Bill Clinton e o primeiro ministro Tony Blair divulgaram, o que segundo eles seria uma nova era para a humanidade, o sequenciamento do genoma humano. O “rascunho da vida” como denominaram traria novas expectativas quanto à doenças incuráveis, desafios éticos, novas propostas tecnológicas para a pesquisa, mas principalmente uma acessibilidade muito maior ao conceito de genética para a população.

Desde então uma revolução molecular pôde ser observada, novos conceitos adentraram às salas de aula, novos equipamentos evoluíram os laboratórios de pesquisa, novos e milhares de artigos passaram a publicar quase que “em tempo real” as descobertas no campo ambiental, microbiológico, industrial e da saúde. Podemos dizer também que a genética chegou como nunca às mesas das famílias, deixando de ser um assunto apenas dos cientistas.

Portanto a literatura aqui apresentada e intitulada “Conceitos básicos da genética” torna-se relevante não apenas por abordar assuntos relativos à comunidade acadêmica, mas principalmente por demonstrar a diversidade de áreas que hoje utilizam das ferramentas genéticas e moleculares em seus estudos que estão diretamente relacionados ao dia-a-dia da população.

Cada vez mais, o acelerado mundo das descobertas científicas caminha a passos largos e rápidos no sentido de transformar a pesquisa básica em aplicada, portanto é relevante destacar que investimentos e esforços nessa área contribuem grandemente com o desenvolvimento de uma nação. A genética como sabemos possui um campo vasto de aplicabilidades que podem colaborar e cooperar grandemente com os avanços científicos e tecnológicos.

Esperamos que seja apenas o primeiro de muitos outros livros na área, já que a cada dia novas tecnologias genéticas tornam-se acessíveis e novas descobertas são possíveis. Parabenizamos cada autor pela teoria bem fundamentada aliada à resultados promissores, e principalmente à Atena Editora por permitir que o conhecimento seja difundido e disponibilizado para que as novas gerações se interessem cada vez mais pelo ensino e pesquisa em genética.

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1	1
FERRAMENTAS GENÔMICAS E GEOGRÁFICAS PARA AVALIAR A DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÕES SUÍNAS	
<i>Elizabete Cristina da Silva</i>	
<i>Samuel Rezende Paiva</i>	
<i>Concepta Margaret McManus Pimentel</i>	
<i>Victor Huço de Vasconcelos Calado</i>	
DOI 10.22533/at.ed.2141921061	
CAPÍTULO 2	12
A ABORDAGEM DE GENÉTICA SOB O OLHAR DOS DISCENTES DE ENFERMAGEM DE UMA INSTITUIÇÃO DE ENSINO SEMIPRESENCIAL NO MUNICÍPIO DE ANANINDEUA, ESTADO DO PARÁ	
<i>Letícia Gomes de Oliveira</i>	
<i>Maria Josilene Castro de Freitas</i>	
<i>Brena Yasmim Barata Nascimento</i>	
<i>Shirlene de Nazaré Costa da Silva</i>	
<i>Leandro Neves da Silva Costa</i>	
<i>Dolanno Ferreira Alves</i>	
<i>Adan Rodrigues de Oliveira</i>	
<i>Joycianne Rodrigues Parente</i>	
<i>Karina Guedes Lima</i>	
<i>Abigail das Mercês do Vale Batista</i>	
<i>Dayara de Nazaré Rosa de Carvalho</i>	
DOI 10.22533/at.ed.2141921062	
CAPÍTULO 3	17
A GENÉTICA TOXICOLÓGICA E O BIOENSAIO <i>Allium cepa</i>	
<i>Schirley Costalonga</i>	
<i>Maria do Carmo Pimentel Batitucci</i>	
DOI 10.22533/at.ed.2141921063	
CAPÍTULO 4	25
ANÁLISES GENÉTICAS NÃO INVASIVAS E SUA CONTRIBUIÇÃO PARA A GENÉTICA DA CONSERVAÇÃO DE FELINOS BRASILEIROS	
<i>Andiara Silos Moraes de Castro Souza</i>	
<i>Bruno Henrique Saranholi</i>	
<i>Pedro Manoel Galetti Jr</i>	
DOI 10.22533/at.ed.2141921064	
CAPÍTULO 5	40
AVALIAÇÃO DA DISCIPLINA DE GENÉTICA HUMANA FRENTE ÀS DIRETRIZES CURRICULARES NACIONAIS PARA O CURSO DE GRADUAÇÃO EM MEDICINA	
<i>Sulyanne Saraiva de Almeida</i>	
<i>Alcivan Batista de Moraes Filho</i>	
<i>João Paulo da Silva Liberalino</i>	
<i>Sandy Albuquerque Silveira</i>	
<i>Bruna Prado de Oliveira</i>	
<i>Thales Allyrio Araújo de Medeiros Fernandes</i>	
DOI 10.22533/at.ed.2141921065	

CAPÍTULO 6 54

CITOGENOTOXICIDADE E MUTAGENICIDADE DO SULFATO DE COBRE EM DIFERENTES VARIEDADES DE *allium cepa* LINN

Júlio Brando Messias
Rosanne Lopes de Brito
Gerusa Tomaz de Aquino Beltrão
Inalda Maria de Oliveira Messias
Mônica Simões Florêncio
Betty Rose de Araújo Luz
Sura Wanessa Nogueira Santos Rocha
Mércia Cristina de Magalhães Caraciolo
João Ferreira da Silva Filho

DOI 10.22533/at.ed.2141921066

CAPÍTULO 7 65

COMO SURGEM NOVAS ENZIMAS? EVOLUÇÃO MOLECULAR DE NOVAS CÓPIAS GÊNICAS NA SUPERFAMÍLIA DAS RODANASES EM DIPTERA

Luana Sousa Soares
Iderval da Silva Júnior Sobrinho

DOI 10.22533/at.ed.2141921067

CAPÍTULO 8 83

DIVERSIDADE GENÉTICA EM *Hoplias malabaricus* (BLOCH, 1794) REVELA DIFERENTES LINHAGENS EM BACIAS MARANHENSES

Walna Micaelle de Moraes Pires
Maria Claudene Barros
Elmary da Costa Fraga

DOI 10.22533/at.ed.2141921068

CAPÍTULO 9 98

DNA BARCODING CONFIRMA A OCORRÊNCIA DE ESPÉCIES AMAZÔNICAS NA ICTIOFAUNA DO RIO TURIQUÊ, MARANHÃO/BRASIL

Bruno Rafael da Silva Teixeira
Maria Claudene Barros
Elmary da Costa Fraga

DOI 10.22533/at.ed.2141921069

CAPÍTULO 10 111

EVALUATION OF HETEROLOGOUS PROTEIN EXPRESSION AT DIFFERENT CONCENTRATIONS OF MGSO₄ AND IPTG IN ESCHERICHIA COLI W110

Yago Queiroz dos Santos
Gabriella Silva Campos Carelli
Bruno Oliveira de Veras
Joelton Igor Oliveira da Cruz
Geovanna Maria Medeiros Moura
Antônio Moreira Marques Neto
Anderson Felipe Jácome de França

DOI 10.22533/at.ed.21419210610

CAPÍTULO 11 119

ANÁLISE DA IMPORTANCIA DE ESTUDOS DO GENE MDR1 E SEU PAPEL NO DESENVOLVIMENTO DE MULTIRESTENCIA A FÁRMACOS PARA TRATAMENTO DE CANDIDÍASE

Lucas Lopes Lima

Benedito R. Da Silva Neto

DOI 10.22533/at.ed.21419210611

CAPÍTULO 12 128

EVALUATION OF PLASMA MIRNAS FOR EARLY DIAGNOSIS OF BREAST CANCER

Alexis Germán Murillo Carrasco

Stefano Giannoni Luza

Oscar Acosta Conchucos

José Manuel Cotrina Concha

Alfredo Aguilar Cartagena

Lia Pamela Rebaza Vásquez

Ricardo Miguel Fujita Alarcón

José Luis Buleje Sono

DOI 10.22533/at.ed.21419210612

CAPÍTULO 13 139

POLIMORFISMO DO GENE GOLA-DRB.2 EM REBANHOS CAPRINOS LEITEIROS

Luciana Florêncio Vilaça Lopes

Elizabete Cristina da Silva

Elizabete Rodrigues da Silva

Severino Benone Paes Barbosa

Ângela Maria Vieira Batista

Kleber Régis Santoro

DOI 10.22533/at.ed.21419210613

CAPÍTULO 14 151

IDENTIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE PEIXES DA APA DO INHAMUM, LESTE MARANHENSE, BRASIL

Renato Corrêa Lima;

Marcelo Silva de Almeida;

Maria Claudene Barros;

Elmary da Costa Fraga;

DOI 10.22533/at.ed.21419210614

CAPÍTULO 15 169

MIRNAS: UMA CLASSE DE PEQUENOS RNAs REGULATÓRIOS

Juliana Santana de Curcio

Kleber Santiago Freitas e Silva

Lívia do Carmo Silva

Amanda Alves de Oliveira

Thaynara Gonzaga Santos

Lucas Weba Soares

DOI 10.22533/at.ed.21419210615

CAPÍTULO 16	179
O CICLO CELULAR E SEUS MECANISMOS DE CONTROLE: UMA REVISÃO	
<i>Schirley Costalonga</i>	
<i>Maria do Carmo Pimentel Batitucci</i>	
DOI 10.22533/at.ed.21419210616	
CAPÍTULO 17	191
OSTEOSSARCOMA PEDIÁTRICO	
<i>Natália Paiva do Nascimento</i>	
<i>Thauanna Alves Meira</i>	
<i>Mariana Camargo Maschietto</i>	
DOI 10.22533/at.ed.21419210617	
CAPÍTULO 18	202
PHYLOGENETIC ANALYSIS AND IDENTIFICATION OF A CELLULASE PRODUCING BACILLUS SP. STRAIN BY 16S RRNA SEQUENCING	
<i>Yago Queiroz dos Santos</i>	
<i>Anderson Felipe Jácome de França</i>	
<i>Bruno Oliveira de Veras</i>	
<i>Gabriella Silva Campos Carelli</i>	
<i>Geovanna Maria Medeiros Moura</i>	
<i>Joelton Igor Oliveira da Cruz</i>	
<i>Fernanda Granja da Silva Oliveira</i>	
<i>João Ricardhis Saturnino de Oliveira</i>	
<i>Luciclaudio Cassimiro de Amorim</i>	
<i>Elizeu Antunes dos Santos</i>	
DOI 10.22533/at.ed.21419210618	
CAPÍTULO 19	210
POLIMORFISMOS GENÉTICOS E DOENÇAS HUMANAS NA ERA DA BIOINFORMÁTICA	
<i>Kleber Santiago Freitas e Silva</i>	
<i>Juliana Santana de Curcio</i>	
<i>Lucas Weba Soares</i>	
<i>Lívia do Carmo Silva</i>	
<i>Amanda Alves de Oliveira</i>	
<i>Thaynara Gonzaga Santos</i>	
DOI 10.22533/at.ed.21419210619	
CAPÍTULO 20	226
QUIMIOPROTEÔMICA: DESCOBRINDO MOLÉCULAS BIOATIVAS E SEUS ALVOS	
<i>Lívia do Carmo Silva</i>	
<i>Kleber Santiago Freitas e Silva</i>	
<i>Juliana Santana De Curcio</i>	
<i>Lucas Weba Soares</i>	
DOI 10.22533/at.ed.21419210620	
SOBRE O ORGANIZADOR	240

FERRAMENTAS GENÔMICAS E GEOGRÁFICAS PARA AVALIAR A DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÕES SUÍNAS

Elizabete Cristina da Silva

Universidade de Brasília (UnB), Ciências Animais
Brasília-DF

Universidade Federal Rural de Pernambuco
(UFRPE), Zootecnia
Recife-PE

Samuel Rezende Paiva

Universidade de Brasília (UnB), Ciências Animais
Brasília-DF

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária-
EMBRAPA
Brasília-DF

Concepta Margaret McManus Pimentel

Universidade de Brasília (UnB), Ciências Animais
Brasília-DF

Victor Hugo de Vasconcelos Calado

Universidade Federal Rural de Pernambuco
(UFRPE), Medicina Veterinária
Recife-PE

RESUMO: A grande disponibilidade de técnicas moleculares proporcionou a realização de vários estudos em raças ameaçadas de extinção utilizando as informações dos marcadores baseados em polimorfismos do DNA. Há muitos marcadores no DNA (RFLP, AFLP, RAPD, microssatélites, mtDNA, Y, SNPs) que estão sendo utilizados para estudar a diversidade genética de animais domésticos. Neste texto serão apresentadas descrições dos

marcadores microssatélites, mtDNA e SNPs como ferramentas genômicas para avaliar a diversidade e estrutura genética de populações suínas assim como serão apresentados alguns aspectos importantes das áreas de Filogeografia e Genética de Paisagem, que combinam as informações obtidas com os marcadores moleculares e a distância física entre as populações para estudar o comportamento da distribuição da variação genética numa escala espacial.

PALAVRAS-CHAVE: Filogeografia; Genética da Conservação; Marcadores Moleculares; Suínos Nativos.

ABSTRACT: The great availability of molecular techniques has provided the realization of several studies in endangered breeds using the information of markers based on DNA polymorphisms. There are many markers in DNA (RFLP, AFLP, RAPD, microsatellites, mtDNA, Y, SNPs) that are being used to study the genetic diversity of domestic animals. In this text will be presented descriptions of microsatellite markers, mtDNA and SNPs as genomic tools to evaluate the diversity and genetic structure of swine populations as well as some important aspects of the areas of Phylogeography and Landscape Genetics, which combine the information obtained with the molecular markers and the physical distance between the populations to

study the behavior of the distribution of genetic variation on a spatial scale.

KEYWORDS: Phylogeography; Conservation Genetics; Molecular Markers, Native Pigs.

1 | INTRODUÇÃO

As raças suínas mais utilizadas na suinocultura intensiva são Duroc, Landrace, Large White, Pietrain, Hampshire, além de uma grande variedade de linhagens modernas de suínos que foram desenvolvidas para atender a demanda atual de animais com maior potencial genético para deposição de proteína na carcaça e fêmeas hiperprolíficas (IRGANG et al., 1992; FÁVERO & FIGUEIREDO, 2009). Contudo, ainda existem as raças localmente adaptadas ou nativas que representam uma pequena parcela do material genético dentro da suinocultura. Essas raças ou grupos genéticos têm sido encontrados nas propriedades de base familiar e se tornaram um meio de vida para o homem do campo (CASTRO et al., 2002; SILVA et al., 2011).

A grande disponibilidade de técnicas moleculares proporcionou a realização de vários estudos em raças ameaçadas de extinção utilizando as informações dos marcadores baseados em polimorfismos do DNA (MAUDET et al., 2002; TADANO et al., 2007). Os microssatélites e mtDNA, por exemplo, foram os marcadores mais utilizados para estudar a diversidade e estrutura genética e a origem de raças suínas brasileiras (SOLLERO et al., 2009; SOUZA et al., 2009; CAVALCANTE NETO, 2010, SILVA et al., 2011) e em outros países (RAMIREZ et al., 2009; LUETKEMEIER et al., 2010; YU et al., 2013).

Os avanços no campo da genética da conservação têm permitido a realização de estudos que englobam a área de filogeografia que geram informações sobre a distribuição da variação genética numa escala espacial de várias espécies de animais e plantas utilizando marcadores moleculares combinados com dados demográficos e geográficos (FOLL & GAGGIOTTI, 2006; TABERLET & BOUVET, 1994). A filogeografia contribui para a compreensão dos processos microevolucionários, como fluxo de genes, seleção natural, a existência de isolamento por distância e gargalo de garrafa (*bottleneck*), que podem conduzir a perda de variabilidade genética ou mesmo a extinção de uma espécie e/ou população (MANTEL, 1967; MANEL et al., 2003).

Atualmente são esperados maiores avanços nos estudos de genética da conservação e no melhoramento genético dos suínos, uma vez que as novas tecnologias de sequenciamento de alto desempenho estão cada vez mais acessíveis e várias espécies de animais domésticos têm o genoma sequenciado, incluindo a espécie suína (ARCHIBALD et al., 2010). Dentro do contexto apresentado, neste texto serão apresentadas descrições dos marcadores microssatélites, mtDNA e SNPs como

ferramentas genômicas para avaliar a diversidade e estrutura genética de populações suínas assim como serão apresentados alguns aspectos importantes das áreas de Filogeografia e Genética de Paisagem, que combinam as informações obtidas com os marcadores moleculares e a distância física entre as populações para estudar o comportamento da distribuição da variação genética numa escala espacial.

2 | FERRAMENTAS GENÔMICAS PARA ACESSAR A DIVERSIDADE GENÉTICA DE SUÍNOS LOCAIS

Um grande passo nos estudos de caracterização dos recursos genéticos tem sido dado nas últimas décadas. Os avanços na área da genética contribuíram para melhoria nos estudos que envolvem o campo da genética da conservação. Há muitos marcadores no DNA (RFLP, AFLP, RAPD, microssatélites, mtDNA, Y, SNPs) que foram aplicados para estudar a diversidade genética de animais e plantas (SPRITZE et al., 2003; ALBUQUERQUE et al., 2006). Neste texto serão apresentadas descrições dos marcadores: microssatélites, mtDNA e SNPs.

2.1 Microssatélites

Os Microssatélites ou SSR (*simple sequence repeats* ou STR) são sequências curtas que consistem em elementos repetidos in tandem cujo comprimento pode variar de 1 a 6 pb e apresentam características desejáveis para serem utilizados em estudos de genética de populações e identificação individual (POWEL et al., 1996; WERNER et al., 2004). Esses marcadores podem ser classificados de acordo com o comprimento da unidade de base repetida (mono-, di-, tri-, tetra-, penta- e hexa-nucleotídeos) e estrutura ("perfeito" e "imperfeito") e representam as regiões instáveis do genoma devido às alterações mutacionais causadas pela perda ou adição de unidades repetitivas. Essas mutações são causadas por mecanismo intramolecular denominado de *slippage* ("escorregão") da DNA polimerase ou crossing over desigual (SCHLOTTERER & TAUTZ, 1992).

Os microssatélites espécie-específicas estão descritos na literatura para várias espécies de animais e plantas (TAUTZ, 1989), e a utilização dos mesmos está muito difundida nos estudos de diversidade genética de animais ameaçados de extinção, pois além de serem facilmente amplificados por reação em cadeia da polimerase (PCR), várias literaturas disponibilizam informações úteis que têm contribuído para as diversas pesquisas (FERREIRA et al., 2014; SILVA et al., 2014).

Diversos estudos sobre a diversidade e estrutura genética de populações suínas foram realizados utilizando marcadores microssatélites tanto no Brasil (GONELA, 2003; SOLLERO et al., 2009; SILVA et al., 2011) como em outros países (CALVO et

al., 2000; LEMUS-FLORES et al., 2001, CHAIWATANASIN et al., 2002; CANUL et al., 2005; VICENTE et al., 2008). Gonela (2003) utilizou seis locos de microssatélites na caracterização genética de uma pequena população de Porco Monteiro (N=99) e Tayassu pecari (N=15) e verificou alta variabilidade (4 a 15 alelos, heterozigosidade de 0,13 a 1,00 e conteúdo de informação polimórfica variando de 0,18 a 0,84). Sollero et al. (2008) avaliaram, com 28 microssatélites, a diversidade e estrutura genética de cinco populações suínas, sendo três localmente adaptadas no Brasil (Piau, Moura e Monteiro) e duas comerciais (Landrace e MS60).

A diversidade e estrutura genética de nove grupos genéticos de suínos localmente adaptados no estado de Pernambuco, Brasil (Baé, Caruncho, Canastra, Canastrão, Mamelado, Moura, Nilo, Piau e Sem Raça Definida-SRD) e três raças exóticas (Duroc, Landrace e Large White) foram analisadas com 22 marcadores microssatélites (SILVA et al., 2011).

2.2 DNA mitocondrial (mtDNA)

O mtDNA é uma molécula circular de fita dupla com aproximadamente 16 kb que contém 13 genes codificadores de proteínas, 22 genes de RNAs de transferência e 2 genes de RNA ribossomais (GRAY, 1989) e apresenta uma taxa média de substituições sinônimas aproximadamente 20 vezes maior do que no DNA nuclear (PESOLE et al., 1999). A sua aplicação como marcador molecular para estudar a evolução molecular, classificação biológica e estrutura genética é devido às características, como peso molecular pequeno, taxa de evolução rápida e quase exclusivamente de herança materna (haplóide), e ausência de recombinação genética.

As duas regiões do mtDNA mais recomendadas nos estudos de estrutura populacional e interpretação filogenética das espécies são a região controle (D-loop) e o gene que codifica para a citocromo b (AVISE, 1994). A região controle desempenha um papel de regular a replicação e a transcrição do mtDNA e compõe cerca de 6% do genoma mitocondrial. Esta região está localizada entre tRNA para prolina e tRNA fenilalanina e contém de 5 a 29 sequências repetidas in tandem (SRTs) (CLAYTON, 1991) com uma taxa de substituição de base de cinco a dez vezes maior que a de outras regiões do mtDNA (MACKAY et al., 1986).

Diversos estudos filogenéticos com populações suínas usaram as sequências da região controle (D-loop) e do gene citocromo b. Randi et al. (1996) usaram os polimorfismos do citocromo b nos estudos evolutivos de Suiformes. Alves et al. (2003) empregaram citocromo b (1140 pb) e a região controle (707pb) para determinar as relações filogenéticas entre suínos ibéricos antigos e atuais. Alex et al. (2004) encontraram uma mistura de haplótipos asiáticos e europeus no porco preto de Canárias por meio de polimorfismos identificados no gene citocromo b.

No Brasil, Souza et al. (2009) utilizaram o citocromo b para investigar a origem das raças suínas brasileiras e verificaram que as raças suínas brasileiras são descendentes de duas linhagens maternas (europeia e asiática), as raças Nilo, Monteiro, Piau e Tatu compartilharam haplótipos de uma linhagem Ibérica, enquanto, a raça Moura apresentou haplótipos de diferentes linhagens de origem europeia e asiática e, por isso, essa raça apresenta maior divergência em relação às demais raças suínas brasileiras.

2.3 Polimorfismo de nucleotídeo único (SNP)

Os SNPs são as variações (A, C, T e G) mais comuns de DNA dentro do genoma (SACHIDANANDAN et al., 2001). Os SNPs apresentam vantagens em relação a outros marcadores genéticos pela possibilidade de serem identificados por meio de técnicas de alto desempenho e a um custo, relativamente, baixo (WASSON et al., 2002; LINDROOS et al., 2003; WIEDMANN et al., 2008; SHEN et al., 2009).

Os SNPs são um dos temas centrais em genômica e, com o surgimento das plataformas de sequenciamento de nova geração, milhões de SNPs estão sendo descobertos em várias espécies de interesse agropecuário (ECK et al., 2009; WIEDMANN et al., 2008; LIU, 2009; ALLEN et al., 2010), pois por serem variações facilmente detectáveis estão sendo preferidas nos estudos que envolvem associação entre genótipo e fenótipo (HAYES & GODDARD, 2010). Os SNPs no cromossomo X de suínos de diversos países, incluindo raças brasileiras, permitiram a separação de dois grupos distintos asiáticos e europeus (BURGOS-PAZ et al., 2012).

Durante muitos anos o método de sequenciamento de Sanger (1987) foi fundamental na era genômica. Porém, os novos avanços biotecnológicos na área da genética exigem métodos de sequenciamento rápidos e de baixo custo. Na última década, mais precisamente a partir de 2005, a forma de aquisição de dados genômicos tem mudado completamente (MARDIS, 2008), graças às tecnologias de sequenciamento de nova geração (SNG) que são capazes de sequenciar milhões de pares de bases em uma única corrida (DALCA & BRUDNO, 2010).

No mercado estão disponíveis as plataformas desenvolvidas por diversas companhias: 454 (Roche), HiSeq2000, HiSeq2500 e MiSeq (Illumina), SoLiD (Life Technologies), HeliScope (Helicos BioSciences), Single Molecule Real Time-SMRT (Pacific Bioscience), Ion Torrent-PGM e Proton (Life Technologies). As novas tecnologias de sequenciamento também contribuíram para diminuir os custos de genotipagem de SNP e isso é de extrema importância para o descobrimento de polimorfismos associados às características de interesse econômico (SBORNER et al., 2011). Além disso, os polimorfismos acessados podem ser incorporados aos métodos de Seleção Genômica (MEUWISSEN et al., 2001) para obter maior progresso genético dos animais nos programas de avaliação e melhoramento animal (CAETANO, 2009).

3 | FILOGEOGRAFIA E GENÉTICA DE PAISAGEM

A filogeografia contribuiu para o entendimento da distribuição da diversidade genética de muitas espécies de animais e plantas (EIZIRIK et al., 2001; MILLER et al., 2011). Avise (2000) define filogeografia como um campo de estudo preocupado com os princípios e processos que governam as distribuições geográficas de linhagens genealógicas, especialmente aquelas dentro e entre espécies proximamente relacionadas.

A filogeografia surgiu como uma disciplina e seu foco principal é estudar a variação genética em populações de uma espécie ou entre espécies próximas e podem ser realizados com enzimas, RAPDs, RFLPs, cromossomo Y, DNA mitocondrial (mtDNA), SNPs e os microssatélites (AVISE et al., 1987; AVISE, 1998). O recomendado é a utilização de pelo menos dois tipos de marcadores para obtenção de resultados satisfatórios (SCANDURA et al., 2011).

Um dos principais pontos discutidos nos trabalhos de filogeografia é a estrutura geográfica e genética populacional das espécies que é definida como o resultado dos processos microevolutivos e demográficos que atuam entre e dentro das populações, assim como da biogeografia histórica das linhagens genéticas (WENINK et al., 1996). As variações geográficas também podem revelar quais os mecanismos históricos, ecológicos, os padrões fenotípicos, assim como a distribuição de muitas espécies de animais domésticos. Entender estes padrões de variação geográfica é o primeiro passo para inferir os processos evolutivos de suas populações naturais (ZINK & REMSEN, 1986).

Para alcançar as metas propostas nos estudos filogeográficos é necessário estabelecer as relações filogenéticas de um grupo de indivíduos da mesma espécie que ocorre em uma área geográfica (ex.: no território nacional). Isso pode ser feito mediante o uso de sequências de DNA, avaliação dos agrupamentos formados para verificar se os mesmos pertencem à mesma área geográfica e se os grupos mais relacionados são mais próximos geograficamente e, por último, relacionar os indivíduos a outros organismos para verificar se há ou não congruências na distribuição geográfica (MIYAKI, 2009).

Outro campo interdisciplinar que combina conceitos e métodos de genética de populações, ecologia da paisagem e estatística espacial é a análise genética em escala de paisagem (*Landscape genetics*). A genética de paisagem quantifica os efeitos da composição da paisagem, configuração e matriz da qualidade nos padrões espaciais de variação genética subjacente neutra e adaptativa e os processos microevolutivos. O mais importante deste estudo é que se pode identificar a distribuição da diversidade genética de uma espécie de acordo com as variáveis de interesse (MANEL, 2003).

Com a espécie suína estes estudos ainda são raros, mas pode-se dar exemplo

de um utilizando loci microssatélites de DNA para estudar a estrutura populacional em populações de suínos selvagens no sul do Texas (DELGADO-ACEVEDO; DEYOUNG; CAMPBELL, 2007). No qual, os autores conseguiram verificar que em larga escala geográfica, que as populações de suínos exibem um grau moderado de estrutura genética, sugerindo que as populações separadas são diferenciadas o suficiente para ser funcionalmente independentes e que as distâncias genéticas e geográficas entre as populações não seguem uma relação linear simples. Algumas populações geograficamente próximas estão geneticamente dissimilares, enquanto outras populações geograficamente distantes são semelhantes. Estes avanços foram obtidos tanto pelos avanços nas técnicas moleculares quanto também pelo aumento na disponibilidade de bancos de dados georreferenciados.

Existem softwares que permitem georrefenciar pontos e estão programados para calcular índices de diversidade com base na latitude, longitude e dados de caracterização das populações (HIJMANS et al., 2001). Outra forma de analisar a relação entre os dados geográficos e genéticos é utilizando o teste de Mantel (MANTEL, 1967) pelo qual se calcula a significância entre duas ou três matrizes mediante um processo de permutação. A partir da combinação das informações genéticas com as geográficas permite o acesso das características de paisagem sobre a estrutura genética de populações e fluxo gênico (MANEL et al., 2003).

REFERÊNCIAS

ALBUQUERQUE, M.S.M.; EGITO, A.A.; PAIVA, S.R. et al. Conservação e caracterização de búfalos no Brasil: uma Revisão da Literatura. Embrapa Rec. Gen. e Biotec., Brasília, DF, 2006.

ALEX, F.; MARCEL, C.; JOSE-LUIS, A. et al. Estimating the frequency of Asian cytochrome B haplotypes in standard European and local Spanish pig breeds. **Genet. Sel. Evol.** n. 36, 97– 104, 2004.

ALLEN, A. R.; TAYLOR, M. MCKEOWN, B. Compilation of a panel of informative single nucleotide polymorphisms for bovine identification in the Northern Irish cattle population. **BMC Genetics.** v.11, n.5. 2010.

ALVES, E., OVILO, C. RODRIGUEZ, M.C. et al. Mitochondrial DNA sequence variation and phylogenetic relationships among Iberian pigs and other domestic and wild pig populations. **Anim. Genet.** 34: 319–24. 2003.

ARCHIBALD, A. L.; BOLUND, L. et al. Pig genome sequence analysis and publication strategy. **BMC Genomics** 11: 438, 2010.

AVISE, J.C. **Phylogeography: the History and Formation of Species.** Harvard University Press, Cambridge, MA. 446pp. 2000.

_____ **Molecular markers, natural history and evolution.** New York: Chapman & Hall,

AVISE, J. C. ARNOLD, J.; BALL, R. M. et al. Intraspecific phylogeography: the mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics. **Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics**, v. 18, p. 489-522, 1987.

BURGOS-PAZ, W., SOUZA, C. A.; CASTELLO, A. Worldwide genetic relationships of pigs as inferred from X chromosome SNPs. **Animal Genetics**, doi: 10.1111/j.1365-2052.2012.02374.x. 2012.

CAETANO, A.R. Marcadores SNP: conceitos básicos, aplicações no manejo e no melhoramento animal e perspectiva para o futuro. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, p.64-71, 2009.

CALVO, J.H.; LOBERA, J.; OSTA, R. et al. Caracterización genética de la raza porcina chato murciano. **Archivos de Zootecnia**, v. 49, p. 53-58, 2000.

CASTRO, S. T. R.; ALBUQUERQUE, M. S. N.; GERMANO, J. L. Census of Brazilian naturalized swine breeds. **Archivos de Zootecnia**, n. 51, p. 1-5, 2002.

CAVALCANTE NETO, A. Origem do suíno casco-de-burro e sua relação genética com populações ibéricas e americanas. Jaboticabal, 2010. **Tese** (doutorado) – Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2010.

CLAYTON D.A. Replication and transcription of vertebrate mitochondrial DNA. *Annual Review of Cell Biology*, v7, pp. 453–478. 1991.

DALCA, A. V.; BRUDNO, M. Genome variation discovery with high-throughput sequencing data. **Briefings in Bioinformatics Advance**. 2010.

DELGADO-ACEVEDO, J.; DEYOUNG, R.W.; CAMPBELL, T.A. Landscape genetics of feral swine and implications for management. (2007). *Managing Vertebrate Invasive Species*. 9. <http://digitalcommons.unl.edu/nwrcinvasive>.

ECK, S. H.; ANNA, B-P., FLISIKOWSKI, K. Whole genome sequencing of a single *Bos Taurus* animal for single nucleotide polymorphism discovery. **Genome Biology**. v.10, 2009.

EIZIRIK, E.; KIM, J.; MENNOTI-RAYMOND, M. et al. Phylogeography, population history and conservation genetics of jaguars (*Panthera onca*, mammalia, Felidae). **Molecular Ecology**. v. 10, p. 65-79. 2001.

FÁVERO, J. A. E. P. F.; FEDALTO, L. M.; WOLOSZYN, N. A raça de suínos moura como alternativa para a produção agroecológica de carne. **Revista Brasileira de Agroecologia**, v.2, n.1, 2007.

FERREIRA, J.S.B.; PAIVA, S.R.; SILVA, E.C. et al. Genetic diversity and population structure of different varieties of Morada Nova hair sheep from Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v.13, p.2480 - 2490, 2014.

FOLL, M.; GAGGIOTTI, O.E. Identifying the environmental factors that determine the genetic structure of populations. **Genetics**. n.174. pp.875–891. 2006.doi:10.1534/genetics.106.059451.

GONELA, A. Aplicação de Marcadores Microsatélites de *Sus scrofa domestica* na caracterização

genética de populações de *Sus scrofa* sp (porco-Monteiro) e *Tayassu pecari* (queixada). Ribeirão Preto, 2003, 88 f. (**Tese de Doutorado**). Universidade de São Paulo- SP, 2003.

GRAY M.W. Origin and evolution of mitochondrial DNA. **Annual Review of Cell Biology**. v.5, p. 25–50. 1989.

HAYES, B.; GODDARD, M. Genome-wide association and genomic selection in animal breeding. **Genome**, v.53, n.11, p. 876-883, 2010.

HIJMANS, R.J.; GUARINO, L.; CRUZ, M.; ROJAS, E. Computer tools for spatial analysis of plant genetic resources data: 1. DIVA-GIS. *Plant Genetic Resources Newsletter*, n. 127, p.15-19, 2001.

IRGANG, R.; FAVERO, J.A.; SCHEID, I. Heterose e complementariedade entre raças na produção de suínos para o abate. **Suinocultura Dinâmica**, Ano I, n.3, 6p, 1992.

LEMUS-FLORES, C.; ULLOA-ARVIZU, R.; RAMOS-KURI, M. et al. Genetic analysis of Mexican hairless pig populations. **Journal Animal Science**, v. 79, p. 3021- 3026, 2001.

LINDROOS, K.; SIGURDSSON, S.; JOHANSSON, K. et al. Multiplex SNP genotyping in pooled DNA samples by a four-colour microarray system. **Nucleic Acids Research**, v.30, n.70, 2002.

LIU, G. E. Applications and Case Studies of the Next-Generation Sequencing Technologies in Food, Nutrition and Agriculture. **Recent Patents on Food, Nutrition & Agriculture**, v.1, p. 75-79, 2009.

LUETKEMEIER, E.S.; SODHI, M.; SCHOOK, L. B.; MALHI, R.S. Multiple Asian pig origins revealed through genomic analyses. **Molecular phylogenetics and evolution**. v. 54,680-6, 2010.

MACKAY, S., OLIVER, L. D.; LAIPIS, P. J. Template - directed arrest of mammalian mitochondrial DNA synthesis. **Mol. Cell**. n.6, p.1261-126. 1986.

MANEL, S.,; SCHWARTZ, M.K, LUIKART, G. TABERLET, P. Landscape genetics: combining landscape ecology and population genetics. **Trends Ecol. Evol.** n18. pp.189 -197. 2003.

MANTEL, N. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. **Cancer Research**, v.27, n.2, p. 209-220, 1967.

MARDIS, E. R. Next-generation DNA sequencing methods. **Annu Rev Genomics HumGenet**. n.9, pp.387–402. 2008.

MAUDET, C.; LUIKART, G.; TABERLET, P.. Genetic diversity and assignment tests among seven French cattle breeds based on microsatellite DNA analysis. **Journal Animal Science**, v.80, p.942-950, 2002.

MEUWISSEN, T. H. E.; HAYES B. J., GODDARD, M. E., Prediction of total genetic value using genome – wide dense marker maps. **Genetics**, v. 157, p.1819 – 1829, 2001.

MIYAKI, C. Y. Filogeografia e a descrição da diversidade genética da fauna brasileira. **Megadiversidade**, v. 5, n.1-2 , p. 96-100, 2009.

- MILLER, J. M.; HALLAGER, S.; MONFORT, S. L. et al. Phylogeographic analysis of nuclear and mtDNA supports subspecies designations in the ostrich (*Struthio camelus*). **Conserv Genet** , v.12, p.423–431, 2011.
- PESOLE, G.; GISSI, C., CHIRICO, A.D.E. Nucleotide substitution rate of mammalian mitochondrial genomes. **J. Mol. Evol.**, v. 48, p.427–434, 1999.
- POWEEL, W.; MORGANTE, M.; CHAZ, A. et al. The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and (microsatellite) markers for germplasm analysis. **Molecular Breeding**, v. 2, p. 225-238, 1996.
- RANDI, E.; LUCCHINI, V.; Evolutionary genetics of the suiforms as reconstructed using mtDNA sequencing. **Journal of Mammalian Evolution**. n.3. pp. 163-194. 1996.
- RAMIREZ, O.; OJEDA, A., TOMAS, A. et al. Integrating Y-chromosome, mitochondrial, and autosomal data to analyze the origin of pig breeds. **Mol Biol Evol.**, 26:2061–2072, 2009.
- SACHIDANANDAN, R.; WEISSMAN, D.; SCHMIDT, S.C. et al. A map of human genome sequence variation containing 1.42 million single nucleotide polymorphisms. **Nature**. n. 409. pp. 928-933, 2001.
- SBONER, A.; MU, X. J; GREENBAUM, D. et al. The real cost of sequencing: higher than you think! **Genome Biology**, 2011, 12:125 doi:10.1186/gb-2011-12-8-125.
- SCANDURA, M., IACOLINA, L., APOLLONIO . Genetic diversity in the European wild boar *Sus scrofa*: phylogeography, population structure and wild x domestic hybridization. **Mammal Rev**. 2011, v. 41, n. 2, pp.125–137.
- SCHLOTTERER, C.; TAUTZ, D. Slippage synthesis of simple sequence DNA. **Nucleic Acids Research**. n. 20. pp.211-215. 1992.
- SHEN, Y.; WAN, Z.; COARFA, C. et al. A SNP discovery method to assess variant allele probability from next-generation resequencing data. **Genome Res** v. 20, p. 273-280, 2009.
- SILVA, E. C.; DUTRA JUNIOR, W.M.; IANELLA, P. Patterns of genetic diversity of local pig populations in the State of Pernambuco, Brazil. **R. Bras. Zootec.**, v.40, n.8, p.1691-1699, 2011.
- SILVA, E. C.; MCMANUS, C. M.; GUIMARÃES, M. P. S. L. M. P. et al. Validation of a microsatellite panel for parentage testing of locally adapted and commercial goats in Brazil. **Genetics and Molecular Biology** (Impresso), v.37, p.54 - 60, 2014.
- SOLLERO, B. P.; PAIVA, S. R.; FARIA, D.A. et al. Genetic diversity of Brazilian pig breeds evidenced by microsatellite markers. **Livestock Science**, v. 13, p.1-8, 2009.
- SOUZA, C.A. Padrões de diversidade mitocondrial e nuclear em raças de suínos naturalizadas do Brasil. Universidade Católica de Brasília (**Tese de Doutorado**, 141f).2011.
- SOUZA, C. A.; PAIVA, S. R.; PEREIRA, R. W. et al. Iberian origin of Brazilian local pig breeds based on Cytochrome b (MT-CYB) sequence. **Animal Genetics**, Oxford, v. 40, n. 5, p. 759-762, 2009.
- SPRITZE, A.; EGITO, A. A.; MARIANTE, A.S. et al. Caracterização genética da raça bovina Crioulo Lageano por marcadores moleculares RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.38, p.1157-1164,

2003.

TABERLET, P.; BOUVET, J. Mitochondrial DNA polymorphism, phylogeography, and conservation genetics of the bear *Ursus arctos* in Europe. **Proc. R. Soc. Lond. B.** n.255. pp. 195-200, 1994.

TADANO, R.; SEKINO, M.; NISHIBORI, M. et al. Microsatellite Marker Analysis for the Genetic Relationships Among Japanese Long-Tailed Chicken Breeds. In: **Poultry Science.** v. 1, 2007.

TAUTZ, D.. Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. **Nucleic Acid Research**, v.17, p.6463-6471, 1989.

WASSON, J.; SKOLNICK, G.; LOVE-GREGORY, L. et al. Assessing allele frequencies of single nucleotide polymorphisms in DNA pools by pyrosequencing technology. **Biotechniques.** n.32, p.1144–1146. 2002.

WENINK, P.W.; BAKER, A.J.; TILANUS, M.G.J. Global mitochondrial DNA phylogeography of holarctic breeding dunlins (*Calidris alpina*). **Evolution**, v.50, p318-330, 1996.

WERNER, F.A.O.; DURSTEWITZ, G.; HABERMANN, F.A. et al. Detection and characterization of SNPs useful for identity control and parentage testing in major European dairy breeds. **Animal Genetics**, n. 35. p. 44-49, 2004.

WIEDMANN, R. T.; SMITH, T.P.L.; NONNEMAN, D. J. SNP discovery in swine by reduced representation and high throughput pyrosequencing. **BMC Genetics.** v.81, n.9, 2008.

YU, G.; XIANG, H. et al. The phylogenetic status of typical Chinese native pigs: analyzed by Asian and European pig mitochondrial genome sequences. **J Anim Sci Biotechnol**, v.4, n.1, p. 9, 2013.

ZINK. R.M.; REMSEN, J.V. Jr. Evolutionary processes and patterns of geographic variation in birds. **Current Ornithology** 4: 1–69, 1986.

SOBRE O ORGANIZADOR

Benedito Rodrigues da Silva Neto - Possui graduação em Ciências Biológicas pela Universidade do Estado de Mato Grosso (2005), com especialização na modalidade médica em Análises Clínicas e Microbiologia. Em 2006 se especializou em Educação no Instituto Araguaia de Pós graduação Pesquisa e Extensão. Obteve seu Mestrado em Biologia Celular e Molecular pelo Instituto de Ciências Biológicas (2009) e o Doutorado em Medicina Tropical e Saúde Pública pelo Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública (2013) da Universidade Federal de Goiás. Pós-Doutorado em Genética Molecular com concentração em Proteômica e Bioinformática. Também possui seu segundo Pós doutoramento pelo Programa de Pós-Graduação Stricto Sensu em Ciências Aplicadas a Produtos para a Saúde da Universidade Estadual de Goiás (2015), trabalhando com Análise Global da Genômica Funcional e aperfeiçoamento no Institute of Transfusion Medicine at the Hospital Universitätsklinikum Essen, Germany. Palestrante internacional nas áreas de inovações em saúde com experiência nas áreas de Microbiologia, Micologia Médica, Biotecnologia aplicada a Genômica, Engenharia Genética e Proteômica, Bioinformática Funcional, Biologia Molecular, Genética de microrganismos. É Sócio fundador da “Sociedade Brasileira de Ciências aplicadas à Saúde” (SBCSaúde) onde exerce o cargo de Diretor Executivo, e idealizador do projeto “Congresso Nacional Multidisciplinar da Saúde” (CoNMSaúde) realizado anualmente no centro-oeste do país. Atua como Pesquisador consultor da Fundação de Amparo e Pesquisa do Estado de Goiás - FAPEG. Coordenador do curso de Especialização em Medicina Genômica e do curso de Biotecnologia e Inovações em Saúde no Instituto Nacional de Cursos. Como pesquisador, ligado ao Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública da Universidade Federal de Goiás (IPTSP-UFG), o autor tem se dedicado à medicina tropical desenvolvendo estudos na área da micologia médica com publicações relevantes em periódicos nacionais e internacionais. arroz, milho, sorgo, plantas de cobertura e integração lavoura pecuária. E-mail para contato: alan_zuffo@hotmail.com

Agência Brasileira do ISBN
ISBN 978-85-7247-421-4

