

Projetos de pesquisa

2015 - Atual

Parâmetros de Variabilidade Genética do Vetor do Dengue *Aedes aegypti*, a partir de Marcadores Mitocondriais e Microsatélites no Maranhão

Descrição: O *Aedes (Stegomyia) aegypti* (L.) (Diptera: Culicidae) é o principal vetor do vírus da febre amarela, dos quatro sorotipos do vírus dengue (DEN-1, DEN-2, DEN-3 e DEN-4) e do vírus Chikungunya (CHIKV). No Brasil, a dengue ainda é uma importante arbovirose que acomete o homem e constitui grave problema de saúde pública na maioria dos países tropicais, cujas condições climáticas favorecem a proliferação do *Ae. aegypti*. No Maranhão em 73,3% dos municípios há infestação por este mosquito com circulação de três sorotipos: DENV-1, DENV-2, DENV-3. A presente proposta visa determinar os índices de variabilidade genética em populações de *Ae. aegypti* do Estado do Maranhão com base em marcadores mitocondriais e microsatélites gerando informações que podem subsidiar programas de controle do vetor no Estado. As amostras serão obtidas em municípios das cinco mesorregiões do Estado do Maranhão com elevados índices de infestação. As coletas serão realizadas em criadouros considerados propícios para a proliferação do vetor. As amostras serão transportadas para o Laboratório de Genética e Biologia Molecular do Centro de Estudos Superiores de Caxias (CESC/UEMA), identificadas e congeladas em freezer -86°C. Após a extração do DNA genômico será realizada a amplificação do fragmento do gene ND4 utilizando a técnica de PCR usando iniciadores específicos e os produtos de PCR sequenciados, utilizando o Kit Big Dye em sequenciador automático de DNA (ABI 3.500). Os locos microsatélites serão também amplificados através da técnica de PCR usando-se primers marcados com as fluorescências, FAM e HEX e a genotipagem será realizada no sequenciador automático de DNA (ABI 3.500). As sequências obtidas serão alinhadas no programa BioEdit e a análise populacional será realizada nos programas DnaSP e Arlequin. Os resultados da genotipagem serão processados no programa GeneMapper e as análises genéticas das populações serão realizadas com o auxílio dos seguintes programas estatísticos: Arlequin, TFGPA, POPGENE e STRUCTURE..

Situação: Em andamento; Natureza: Pesquisa.

Alunos envolvidos: Graduação: (1) / Mestrado acadêmico: (1) / Doutorado: (1) .

Integrantes: Elmary da Costa Fraga - Coordenador / Joselita Maria Mendes dos Santos - Integrante / Valeria Cristina Soares Pinheiro - Integrante / Maria Claudene Barros - Integrante /

Projetos de Elnary C. Fraga

Escrito por cienciaanimal

Sex, 16 de Outubro de 2015 13:04 - Última atualização Seg, 19 de Outubro de 2015 12:38

Andrelina Alves de Sousa - Integrante / Luciana Alves da Luz - Integrante / Renato Correia Lima - Integrante / Paulo Bryguel da Cunha - Integrante / Francisco Ideilson Lima Soares - Integrante.

Financiador(es): Fundação de Amparo à Pesquisa ao Desenvol. Científico e Tecnológico - MA - Auxílio financeiro.

Número de produções C, T & A: 1 / Número de orientações: 1

2015 - Atual

Caracterização molecular de morcegos com ênfase na família phyllostomidae, na rota do surto da raiva, nos municípios maranhense e paraense

Projeto certificado pelo(a) coordenador(a) Maria Claudene Barros em 21/08/2015.

Descrição: Este projeto objetiva caracterizar molecularmente as populações de morcegos da família Phyllostomidae, de ocorrência na rota do vírus da raiva em municípios do Maranhão e Pará a fim de subsidiar informações relevantes quanto à biodiversidade da quiropterofauna e a circulação do vírus da raiva nos morcegos dos municípios deste estado a serem estudados.. .

Situação: Em andamento; Natureza: Pesquisa.

Alunos envolvidos: Graduação: (2) / Mestrado acadêmico: (2) .

Integrantes: Elnary da Costa Fraga - Integrante / Fernanda Andrade - Integrante / Maria Claudene Barros - Coordenador / Ana Priscila Medeiros Olímpio - Integrante.

2014 - Atual

MANUTENÇÃO E RECUPERAÇÃO DE EQUIPAMENTOS DO LABORATÓRIO DE GENÉTICA E BIOLOGIA MOLECULAR DO CESC/UEMA GENBIMOL

Projetos de Elnary C. Fraga

Escrito por cienciaanimal

Sex, 16 de Outubro de 2015 13:04 - Última atualização Seg, 19 de Outubro de 2015 12:38

Descrição: A análise de ácidos nucleicos (DNA) tem se revelado como uma ferramenta valiosa na identificação de materiais biológicos ao nível de espécie sendo fundamental para diversas áreas das ciências naturais, desde investigações acadêmicas até aplicações práticas, pois permite descrever a história de um grupo de organismo é inferir as relações filogenéticas entre as espécies. Neste cenário, nosso Grupo de Pesquisa intitulado Sistemática Molecular e Diversidade Animal compreendendo as linhas de pesquisas: Filogenia Molecular; Genética de populações; Genética e Conservação e Sistemática Molecular Animal desenvolve seus projetos de pesquisas contemplando estas linhas. No entanto tornou-se necessário estruturar e equipar um Laboratório na área de Genética e Biologia Molecular (GENBIMOL), sendo este implantado em 2007 e encontra-se sediado no Centro de Estudos Superiores de Caxias/Universidade Estadual do Maranhão. Atualmente dispõe de equipamentos possibilitando realização de técnicas moleculares, como: extração de DNA, amplificação gênica e sequenciamento através de eletroforese capilar na plataforma ABI/3500, com também análise de fragmentos DNA/genotipagem de locos microssatélites. Entre os equipamentos existentes neste laboratório, destaca-se: um sequenciador automático de DNA ABI 3500, dois termocicladores e quatro centrífugas três para microtubos e uma de placa, que necessitam de manutenção e reposição de peças e consumíveis, como no caso do Sequenciador de DNA (ABI 3500) que requer manutenção e monitoramento visando otimizar seu desempenho. Portanto, torna-se imprescindível a manutenção destes equipamentos adquiridos para garantir o sucesso das pesquisas e experimentos realizados na execução dos projetos futuros e em andamento. Vale ressaltar, que a manutenção, recuperação e instalação de equipamentos do Laboratório de Genética e Biologia Molecular pleiteados na presente proposta constitui requisitos essenciais que viabilizarão as condições de execução dos projetos e assim, propiciar o desenvolvimento científico e tecnológico do estado Maranhão..

Situação: Em andamento; Natureza: Pesquisa.

Alunos envolvidos: Graduação: (5) / Mestrado acadêmico: (3) .

Integrantes: Elnary da Costa Fraga - Coordenador / Carlos Augusto Silva de Azevedo - Integrante / Valeria Cristina Soares Pinheiro - Integrante / Barros, M. C. - Integrante / Luis F Carvalho-Costa - Integrante.

Financiador(es): Fundação de Amparo à Pesquisa ao Desenvol. Científico e Tecnológico - MA - Auxílio financeiro.

2014 - Atual

Identificação molecular via DNA barcode da diversidade ictiofaunística da Baixada Maranhense

Descrição: A estratégia dos DNA barcodes tem adquirido proporções cada vez mais globalizada, culminando com o lançamento oficial, em setembro de 2010, do projeto iBOL

(International Barcode of Life Project). Este projeto visa à identificação em nível de espécie de materiais biológico hoje fundamental para diversas áreas das ciências, até aplicações práticas como controle de pragas, monitoramento do tráfico de animais silvestres e detecção de espécies invasoras. Assim, o uso do Código de Barras do DNA (DNA barcodes) na identificação de espécies, constitui uma ferramenta bastante empregada atualmente como apoio a taxonomia tradicional, especialmente na detecção de espécies crípticas. Portanto, a presente proposta visa gerar dados de DNA barcodes para espécies de peixes dos rios Mearim, Pindaré, Pericumã, Aurá e Turiaçu/baixada maranhense, contribuindo para o cumprimento das metas estipuladas para a Rede de DNA barcoding da ictiofauna do Brasil e projeto iBOL. A amostragem será constituída de pelo menos 05 espécimes de cada um dos táxons a serem coletados nos rios Mearim, Pindaré, Pericumã, Aurá e Turiaçu. Para a coleta serão utilizados vários apetrechos de pesca (redes de arrasto, malhadeiras, espinhel e tarrafas). A identificação taxonômica será realizada com o auxílio de literatura científica e confirmada por especialistas. O material testemunho de todas as espécies utilizadas nesta proposta será depositado no MZUSP e o restante dos espécimes será depositado na coleção Zoológica do Centro de Estudos Superiores de Caxias da Universidade Estadual do Maranhão CESC/UEMA. Nas análises genéticas, o DNA total será isolado utilizando-se o protocolo de fenol-clorofórmio e os fragmentos do gene mitocondrial COI amplificados através da técnica de PCR. O seqüenciamento será realizado em seqüenciadores automáticos de DNA ABI 3.500. Além das análises de código de barras, análises de distâncias evolutivas e relações entre os grupos serão realizadas no programa MEGA 5 utilizado-se o método de agrupamento de vizinhos..

Situação: Em andamento; Natureza: Pesquisa.

Alunos envolvidos: Graduação: (4) / Mestrado acadêmico: (3) .

Integrantes: Elmary da Costa Fraga - Coordenador / Débora Gaído Aragão - Integrante / Luciana Alves da Luz - Integrante / Marcelo Ribeiro Mesquita - Integrante / Barros, M. C. - Integrante / Birindelli, JLO - Integrante / Maria Histelle Sousa do Nascimento - Integrante / Andrea Martins Cantanhede - Integrante.

Financiador(es): Fundação de Amparo à Pesquisa ao Desenvol. Científico e Tecnológico - MA - Auxílio financeiro.

2014 - Atual

Avaliação da Diversidade e Estrutura Genética de Populações de *Pygocentrus nattereri* com base em Marcadores Mitocondriais e Microssatélites no Sistema Hidrográfico Pindaré-Mearim.

Descrição: A exploração de estoques de peixes, sem o conhecimento prévio de sua variabilidade genética pode levar a perda de alelos/linhagens raras reduzindo a variabilidade

genética total. Neste cenário, estudos moleculares e citogenéticos com a piranha vermelha *Pygocentrus nattereri* têm demonstrado que esta espécie apresenta um cariótipo com tendências evolutivas conservativas e grande diversidade genética necessitando de estudos que possam determinar os níveis de variabilidade e estruturação genética de suas populações no sistema hidrográfico pindaré-mearim. O presente projeto tem finalidade determinar os níveis de variabilidade e estruturação genética em populações de *Pygocentrus nattereri*, espécie de peixe de interesse econômico capturada e explorada no sistema hidrográfico pindaré-mearim utilizando sequências do DNA mitocondrial (região controle/D-loop) e marcadores microssatélites. A amostragem será constituída de 40 espécimes de cada um dos pontos de coleta a serem realizadas no alto, médio e baixo curso das bacias dos rios Pindaré e Mearim. Para a coleta serão utilizados apetrechos de pesca como redes de arrasto, malhadeiras de vários milímetros, espinhel de fundo e tarrafas. A identificação taxonômica será realizada com o auxílio de literatura científica e confirmada por especialistas. O DNA total será extraído das amostras de tecido muscular usando o protocolo convencional de Fenol-Cloroformio-Álcool Isoamil. O isolamento e amplificação da região controle, a partir de DNA total será realizada através da técnica de Reação em Cadeia da Polimerase (PCR). As sequências obtidas serão analisadas em programas como Bioedit 7.0, DNA sp e Mega 5. Serão analisados os locos microssatélites descritos na literatura para esta espécie. Os fragmentos serão amplificados por meio da Reação em Cadeia da Polimerase e genotipados no sequenciador automático de DNA ABI 3500. Os fragmentos gerados serão analisados utilizando-se os programas GENETIX ver. 4.0, GDA ver. 1.1, CERVUS ver. 3.0 e FSTAT..

Situação: Em andamento; Natureza: Pesquisa.

Alunos envolvidos: Graduação: (4) / Mestrado acadêmico: (3) .

Integrantes: Elmary da Costa Fraga - Coordenador / Débora Gaído Aragão - Integrante / Sampaio, I. - Integrante / Luciana Alves da Luz - Integrante / Barros, M. C. - Integrante / Maria Histelle Sousa do Nascimento - Integrante / Marcelo Silva de Almeida - Integrante / Daniel Limeira Filho - Integrante / Andrea Martins Cantanhede - Integrante.

Financiador(es): Fundação de Amparo à Pesquisa ao Desenvol. Científico e Tecnológico - MA - Auxílio financeiro.

2013 - Atual

Identificação molecular via DNA barcode da ictiofauna do Rio Mearim/MA

Descrição: A identificação em nível de espécie de materiais biológicos é fundamental para diversas áreas das ciências naturais, desde investigações acadêmicas de ecologia e biogeografia até aplicações práticas como controle de pragas, monitoramento do tráfico de animais silvestres e detecção de espécies invasoras. Assim, o uso do Código de Barras do

Projetos de Elnary C. Fraga

Escrito por cienciaanimal

Sex, 16 de Outubro de 2015 13:04 - Última atualização Seg, 19 de Outubro de 2015 12:38

DNA (DNA barcodes) na identificação de espécies, constitui uma ferramenta bastante empregada atualmente como apoio a taxonomia tradicional, especialmente na detecção de espécies crípticas. Neste sentido, a estratégia dos DNA barcodes tem adquirido proporções cada vez mais globalizada, culminando com o lançamento oficial, em setembro de 2010, do projeto iBOL que objetiva expandir a geração de dados de códigos de barra de DNA para todos os eucariotos. Portanto, a presente proposta visa gerar dados de DNA barcodes para espécies de peixes do Rio Mearim/MA, contribuindo para o cumprimento das metas estipuladas para a Rede de DNA barcoding da ictiofauna do Brasil e projeto iBOL. A amostragem será constituída de pelo menos 05 espécimes de cada um dos táxons a serem coletados no alto, médio e baixo curso do Rio Mearim. Para a coleta serão utilizados vários apetrechos de pesca (redes de arrasto, malhadeiras, espinhel e tarrafas). A identificação taxonômica será realizada com o auxílio de literatura científica e confirmada por especialistas. O material testemunho de todas as espécies utilizadas nesta proposta será depositado no MZUSP e o restante dos espécimes será depositado na coleção Zoológica do Centro de Estudos Superiores de Caxias da Universidade Estadual do Maranhão CESC/UEMA. Nas análises genéticas, o DNA total será isolado utilizando-se o protocolo de fenol-clorofórmio e os fragmentos do gene mitocondrial COI amplificados através da técnica de PCR. O seqüenciamento será realizado em seqüenciadores automáticos de DNA ABI 3.500. Além das análises de código de barras, análises de distâncias evolutivas e relações entre os grupos serão realizadas no programa MEGA 5 utilizado-se o método de agrupamento de vizinhos..

Situação: Em andamento; Natureza: Pesquisa.

Alunos envolvidos: Graduação: (4) / Mestrado acadêmico: (3) .

Integrantes: Elnary da Costa Fraga - Coordenador / Barros, MC - Integrante / Birindelli, JLO - Integrante.

Financiador(es): Fundação de Amparo à Pesquisa ao Desenvol. Científico e Tecnológico - MA - Auxílio financeiro.

Número de produções C, T & A: 1 / Número de orientações: 1

2013 - Atual

Caracterização Molecular da Quiropteroфаuna, com ênfase na Família Phyllostomidae (Chiroptera, Mammalia), em fragmentos do Cerrado Leste Maranhense.

Descrição: Os morcegos constituem um grupo bem sucedido, sendo um dos mais frequentes e com maior diversidade de espécies, dentre os mamíferos são responsáveis por grande parte da regeneração das florestas, dispersando sementes e polinizando flores, se alimentam de espécies de insetos atuando como controladores de pragas agrícolas, e são alimento de muitos carnívoros contribuindo para o equilíbrio da cadeia trófica. Além da importância ambiental,

algumas espécies de morcegos apresentam também importância médica e veterinária devido à transmissão de certas zoonoses, como, por exemplo, a raiva. Os morcegos compreendem atualmente um total de 18 famílias, 202 gêneros e 1.120 espécies. Para o Brasil atualmente são encontradas nove famílias, 64 gêneros e 167 espécies. Quanto ao levantamento de espécies por bioma, 96 espécies já foram registradas para a Mata Atlântica, 125 para a Amazônia das quais 38 seriam endêmicas. Para o bioma Cerrado são registradas 80 espécies, porém existem grandes lacunas de conhecimento sobre a quiropterofauna na porção norte do Cerrado, para os estados de Tocantins, Maranhão, Piauí e oeste da Bahia. O estado do Maranhão encontra-se em uma zona de contato com vários biomas: Floresta Amazônica, Caatinga, Cerrado, campos inundáveis, restinga e manguezais, conferindo a este estado uma ampla diversidade florística e faunística. Neste contexto justifica-se a presente proposta que tem como objetivo subsidiar informações relevantes quanto à biodiversidade de quirópteros do cerrado leste maranhense através de dados morfológicos e moleculares, além da diagnose de raiva, portanto inferir quanto a saúde pública..

Situação: Em andamento; Natureza: Pesquisa.

Alunos envolvidos: Graduação: (3) / Mestrado acadêmico: (1) .

Integrantes: Elmary da Costa Fraga - Integrante / Barros, MC - Coordenador.

2013 - Atual

INVESTIGAÇÃO DE INFECÇÃO POR VIRUS DENGUE EM *Aedes aegypti* (Linnaeus) E *Aedes albopictus* (Skuse) (DÍPTERA: CULICIDAE) EM ÁREAS ENDÊMICAS DA REGIÃO DOS COCAIS NO ESTADO DO MARANHÃO.

Descrição: A dengue é uma doença que vem se disseminando de forma rápida e efetiva no decorrer das últimas décadas, é considerada a mais importante arbovirose humana. O fato de grande parte da população mundial viver em áreas de risco e da transmissão da doença ser feita pelo *A. aegypti*, mosquito muito bem adaptado às condições do meio urbano, faz com que a dengue seja uma doença de difícil controle e erradicação. Somado a esses fatores, a inexistência de vacinas e de medicamentos que combatam o vírus agravam ainda mais o contexto epidemiológico da doença. Diante do exposto, a detecção precoce do vírus dengue é muito importante para a vigilância epidemiológica adotar medidas para realizar o bloqueio de possíveis epidemias e controle dos sorotipos circulantes com seus respectivos genótipos. A ampla dispersão do *A. aegypti* e a recente dispersão do *A. albopictus* em municípios do interior do Estado do Maranhão torna necessário realizar o monitoramento das populações desses vetores para verificar os níveis de infecção do vírus dengue e os mecanismos envolvidos na sua transmissão. Considerando-se que o Programa de Controle do dengue no Estado,

Projetos de Elmary C. Fraga

Escrito por cienciaanimal

Sex, 16 de Outubro de 2015 13:04 - Última atualização Seg, 19 de Outubro de 2015 12:38

atualmente é centralizado no trabalho dos agentes de saúde e a aplicação de inseticidas químicos para combate aos alados tornam-se necessários estudos que contribuam para o controle da doença com medidas eficientes de prevenção, considerando as dificuldades do diagnóstico e de menos impacto ao ambiente. Neste trabalho, propõe-se a investigação e a detecção dos sorotipos dos vírus dengue em *A. aegypti* e *A. albopictus* em municípios da região dos Cocais com realização de isolamento viral e métodos moleculares, como a transcriptase reversa - reação da cadeia em polimerase - RT-PCR, para identificação dos sorotipos virais circulantes. A utilização dessas técnicas para investigação da infecção viral em mosquitos vem sendo cada vez mais empregada, pois propicia a detecção precoce da circulação viral, evitando a dispersão de epidemias. Além disso, trata-se de técnicas padronizadas e empregadas rotineiramente no diagnóstico do dengue pelos laboratórios de referência do Ministério da Saúde. .

Situação: Em andamento; Natureza: Pesquisa.

Alunos envolvidos: Graduação: (3) / Mestrado acadêmico: (1) .

Integrantes: Elmary da Costa Fraga - Integrante / Valeria Cristina Soares Pinheiro - Coordenador / Wanderli Pedro Tadei - Integrante / Maria Claudene Barros - Integrante / Ana Cecilia Ribeiro Cruz - Integrante / Maria Cleoneide da Silva - Integrante / Katiane dos Santos Lobo - Integrante / Rosa Cristina R. da Silva - Integrante / Carine Fortes Aragão - Integrante / Samuel da Silva Carvalho - Integrante / Francisco Santos Leonardo - Integrante.

Financiador(es): Fundação de Amparo à Pesquisa ao Desenvol. Científico e Tecnológico - MA - Auxílio financeiro.

Número de produções C, T & A: 1

2013 - Atual

Consolidação e Manutenção dos Bancos de Tecidos e DNA animal no Maranhão

Descrição: O acesso ao patrimônio genético das espécies vem se tornando uma iniciativa preponderante, no que se refere ao reconhecimento da diversidade biológica, bem como na identificação de segmentos do genoma das espécies que tenham potencialidades de agregação de valor nas iniciativas biotecnológicas, Sendo assim esta proposta permite a consolidação da coleção de banco de Tecidos e DNA para estudos da biodiversidade animal maranhense e brasileira, manutenção e expansão do acervo digital do banco de Tecidos e DNA animal presente no GENBIMOL além da intercomunicação entre as coleções da IES e coleções de outras IES..

Situação: Em andamento; Natureza: Pesquisa.

Alunos envolvidos: Graduação: (4) / Mestrado acadêmico: (3) .

Projetos de Elmary C. Fraga

Escrito por cienciaanimal

Sex, 16 de Outubro de 2015 13:04 - Última atualização Seg, 19 de Outubro de 2015 12:38

Integrantes: Elmary da Costa Fraga - Integrante / Sampaio, I. - Integrante / Barros, M. C. - Coordenador / Birindelli, JLO - Integrante / Dante Pavan - Integrante.

Financiador(es): Fundação de Amparo à Pesquisa ao Desenvol. Científico e Tecnológico - MA - Auxílio financeiro.

2013 - Atual

ESPÉCIES DE PRIMATAS FILOGEOGRAFICAMENTE NEGLIGENCIADAS

Projeto certificado pelo(a) coordenador(a) Horacio Schneider em 11/07/2014.

Descrição: Uso de marcadores moleculares para examinar a variação nas populações de modo a testar hipóteses específica sobre as relações filogenéticas e filogeográficas nos gêneros Cebus, Sapajus, Saimiri e Saguinus, assim como tentar desvendar através da análise de genes-candidatos os padrões de pigmentação nas espécies alvo.....

Situação: Em andamento; Natureza: Pesquisa.

Alunos envolvidos: Graduação: (2) / Doutorado: (2) .

Integrantes: Elmary da Costa Fraga - Integrante / Iracilda Sampaio - Integrante / Horacio Schneider - Coordenador / Barros, MC - Integrante.

Financiador(es): Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Auxílio financeiro.