



PROCESSO SELETIVO 2012.1

AVALIAÇÃO DE CONHECIMENTOS ESPECÍFICOS

Nome: _____ Data: _____

1. (1,0) O DNA isolado de um organismo pode ser fragmentado, produzindo segmentos de tamanho uniforme (~300 pb), aquecido para separar as fitas e resfriado para permitir o reanelamento das fitas. O processo de renaturação pode ser seguido ao longo do tempo. Explique por que a renaturação de DNA de *Escherichia coli* é um processo monofásico, enquanto a renaturação do DNA humano é bifásica (uma fase inicial rápida seguida por uma fase mais lenta).
2. (1,0) Um ribossomo eucariótico contém aproximadamente 82 proteínas e quatro diferentes moléculas de RNAr. Por que uma célula contém muito mais cópias dos genes de RNAr do que dos genes de proteínas ribossômicas?
3. (1,0) Explique por que a tradução de um dado RNAm pode ser inibida por um segmento de sequência complementar, o chamado RNA anti-senso.
4. (2,0) Alcântara e colaboradores (2006) estudaram a variação isoenzimática em populações de *Oncidium hookeri* (Orchidaceae), todas do estado de São Paulo. As tabelas abaixo foram extraídas do trabalho.

TABLE 1. Genetic variability in six populations of *Oncidium hookeri*

| Populations | N | A | P (95%) | H _o | H _e | F _{IS} |
|--------------|----------|------------|--------------|----------------|----------------|-----------------|
| 1 | 23.2 | 1.86 | 15.4 | 0.031 | 0.06 | 0.503* |
| 2 | 16.4 | 1.61 | 46.1 | 0.019 | 0.11 | 0.824* |
| 3 | 20.5 | 1.77 | 46.1 | 0.023 | 0.09 | 0.755* |
| 4 | 26 | 1.77 | 38.6 | 0.038 | 0.1 | 0.617* |
| 5 | 22.1 | 1.85 | 61.5 | 0.033 | 0.13 | 0.748* |
| 6 | 15.7 | 1.61 | 38.5 | 0.062 | 0.1 | 0.43* |
| Mean (±s.d.) | 20.6 ± 4 | 1.75 ± 0.1 | 41.03 ± 13.8 | 0.034 ± 0.01 | 0.099 ± 0.02 | 0.66* |

* Significant at the 0.05 level.

N, average number of individuals with sampled loci; A, mean of alleles per locus; P, percentage of polymorphic loci; H_o, observed mean heterozygosity; H_e, expected mean heterozygosity and F_{IS}, inbreeding coefficient.

TABLE 2. Allelic frequencies of 13 loci for six populations of the epiphyte orchid *Oncidium hookeri*

| Pop. | Allele | ADH1 | ADH2 | ADH3 | DIA | FUM | G3PDH | G6PDH | IDH | MDH | ME | PGI | PGM | SKDH |
|------|--------|-------|-------|-------|--------|-------|-------|-------|--------|--------|-------|-------|-------|--------|
| 1 | A | 0.062 | 1.000 | 0.929 | – | 1.000 | 0.042 | 1.000 | 0.021 | 0.021 | 0.000 | 1.000 | 0.023 | 0.954 |
| | B | 0.896 | – | 0.071 | 0.978 | – | 0.958 | – | 0.979 | 0.979 | 0.958 | – | 0.954 | – |
| | C | 0.042 | – | – | 0.022 | – | – | – | – | – | 0.042 | – | 0.023 | 0.046* |
| 2 | A | 0.111 | 1.000 | 0.971 | 0.118 | 1.000 | 0.111 | 1.000 | 0.083 | – | 0.056 | 1.000 | 0.200 | 1.000 |
| | B | 0.889 | – | 0.029 | 0.823 | – | 0.889 | – | 0.917 | 1.000 | 0.944 | – | 0.800 | – |
| | C | – | – | – | 0.059 | – | – | – | – | – | – | – | – | – |
| 3 | A | – | 1.000 | 0.947 | – | 1.000 | – | 1.000 | 0.024 | – | 0.190 | 1.000 | – | 0.905 |
| | B | 1.000 | – | 0.053 | 0.947 | – | 1.000 | – | 0.928 | 1.000 | 0.690 | – | 0.900 | 0.095* |
| | C | – | – | – | 0.053 | – | – | – | 0.024* | – | 0.120 | – | 0.075 | – |
| | D | – | – | – | – | – | – | – | 0.024* | – | – | – | 0.025 | – |
| 4 | A | 0.211 | 1.000 | 0.923 | – | 1.000 | – | 1.000 | 0.039 | 0.000 | 0.038 | 1.000 | 0.038 | 1.000 |
| | B | 0.789 | – | 0.077 | 0.904 | – | 1.000 | – | 0.961 | 0.981 | 0.808 | – | 0.904 | – |
| | C | – | – | – | 0.077 | – | – | – | – | 0.019* | 0.154 | – | 0.058 | – |
| | D | – | – | – | 0.019* | – | – | – | – | – | – | – | – | – |
| 5 | A | 0.100 | 1.000 | 0.950 | – | 1.000 | 0.077 | 1.000 | 0.056 | 0.025 | 0.196 | 1.000 | 0.036 | 1.000 |
| | B | 0.900 | – | 0.050 | 0.818 | – | 0.923 | – | 0.944 | 0.925 | 0.732 | – | 0.875 | – |
| | C | – | – | – | 0.182 | – | – | – | – | – | 0.072 | – | 0.089 | – |
| 6 | A | 0.118 | 1.000 | 0.823 | – | 1.000 | – | 1.000 | – | 0.042 | – | 1.000 | 0.333 | 1.000 |
| | B | 0.882 | – | 0.147 | 0.941 | – | 1.000 | – | 1.000 | 0.958 | 0.971 | – | 0.600 | – |
| | C | – | – | – | 0.059 | – | – | – | – | – | 0.029 | – | 0.067 | – |

–, No allele; * private alleles.

- Com base nos dados da Tabela 1, discuta o fato da heteroziguidade observada ser menor do que a esperada em todos os locos gênicos.
- Com base nos dados da Tabela 2, calcule a heteroziguidade esperada para o loco ADH1, na População 5.
- Com base nos dados da Tabela 2, aponte os possíveis fatores que justifiquem a fixação do alelo B de ADH1, na População 3.
- Com base nos dados da Tabela 2, discuta como pode um loco gênico como o ADH estar presente em mais de uma cópia na mesma espécie.
- Com base nos dados da tabela 2, aponte os possíveis fatores que justifiquem a presença do alelo C de ADH1, apenas na População 3.

5. (2,0) Pesquisadores da Universidade Federal do Rio de Janeiro estudaram *Cliona chilensis* Thiele 1905 e *Cliona celata* Grant 1826 (Porifera, Demospongiae), um complexo sulamericano de espécies de esponjas também encontrado na Europa (Irlanda), através da análise de sequências de DNA mitocondrial (gene *COI*) e nuclear (região ITS), e morfologia das espículas. A análise com marcadores moleculares permitiu a separação em clados distintos (Figura 1): *C. chilensis* dividiu-se em dois clados (A e B) e *C. celata* em três clados (C, D e E). O clado E é formado exclusivamente por espécimes europeus. A distância genética entre os clados foi semelhante àquela encontrada entre diferentes espécies previamente descritas, o que levou os pesquisadores a reconhecer os clados sulamericanos A, B, C e D como quatro espécies distintas.

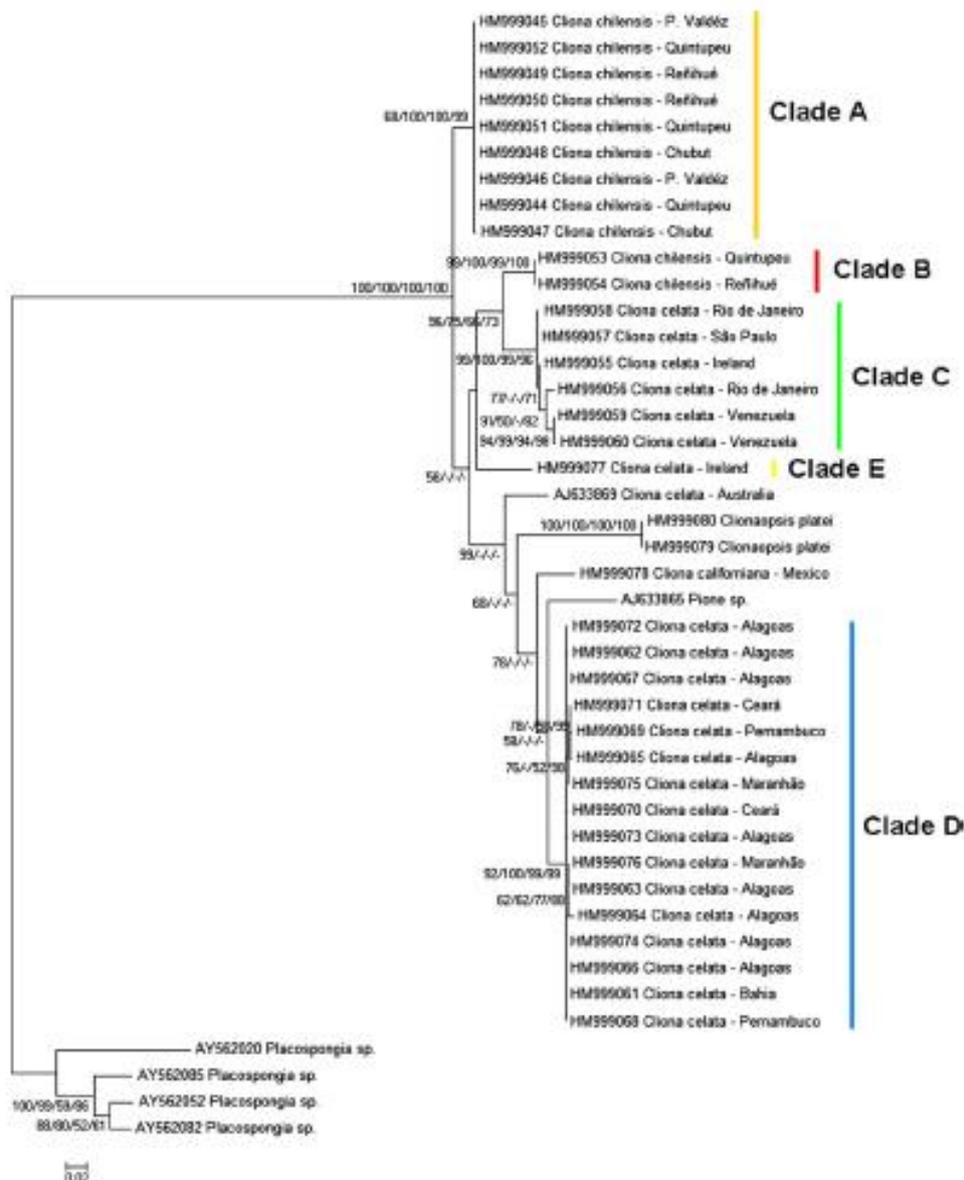


Figura 1: Cladograma baseado em seqüências da região ITS construído a partir da análise de máxima verossimilhança. Ao lado do número de registro no museu está a classificação prévia e o local de coleta. O Cladograma baseado em seqüências de mtDNA foi semelhante e por isso não foi mostrado.

Apesar disso, os marcadores morfológicos não foram eficientes em distinguir os principais clados detectados na análise molecular, devido a sobreposição de características entre os espécimes analisados (Veja Figura 2 mostrando gráfico derivado da análise morfométrica). Ou seja, as espécies descritas com base em análises genéticas não podem ser distinguidas pelos seus caracteres morfológicos.

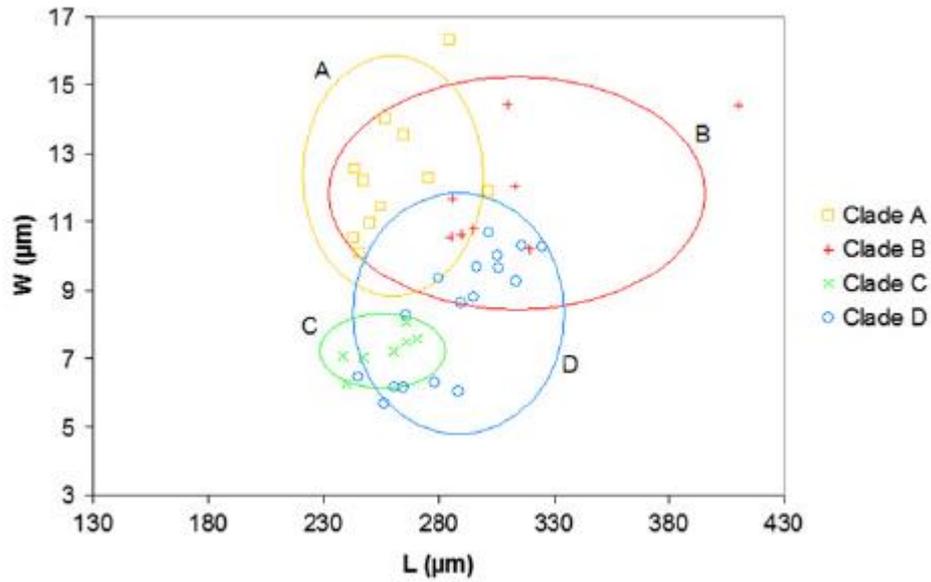


Figura 2: Scatter plot dos parâmetros morfométricos analisados. L = tamanho dos espículas e W = width das espículas.

A figura a seguir apresenta a distribuição geográfica dos cinco clados detectados.



Figura 3: Distribuição dos principais clados detectados nas análises com marcadores genéticos:

- Clado A: círculo laranja
- Clado B: triangulo vermelho
- Clado C: quadrado verde
- Clado D: losango azul
- Clado E: estrela amarela (Irlanda)

Com base nos seus conhecimentos de genética e evolução, e nas informações acima, responda:

- 1) Você concorda com a decisão dos pesquisadores da UFRJ em reconhecer novas espécies com base em apenas em análises genéticas? Por quê?
- 2) A partir desta nova classificação podemos observar, na figura 3, que no sul do litoral chileno ocorrem duas espécies do gênero *Cliona*, correspondentes aos clados A e B. Identifique e explique o processo de especiação que originou estas duas espécies.
- 3) Como você explica a incongruência apresentada entre os dados genéticos e moleculares?
- 4) São conhecidos mais de 20 conceitos distintos de espécie, comente sobre os mais conhecidos e utilizados, apontando sua aplicabilidade e limitação.
- 5) O que são espécies crípticas?

Referência:

ALCANTARA, S.; SEMIR, J.; SOLFERINI, V.N. 2006. Low Genetic Structure in an Epiphytic Orchidaceae (*Oncidium hookeri*) in the Atlantic Rainforest of South-eastern Brazil de. **Annals of Botany**, **98**: 1207-1213.

PAULA, T.S. et al. 2012. Morphology and molecules on opposite sides of the diversity gradient: Four cryptic species of the *Cliona celata* (Porifera, Demospongiae) complex in South America revealed by mitochondrial and nuclear markers. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, **62 (1)**: 529-541.