

Projeto de Pesquisa Registrado – Resumo
Código 868

Coordenador (a): Jacqueline R.M. Braga (jacquebraga@globocom.com)
Vice-coordenador (a): --
Título do projeto: Revisão molecular do status taxonômico das espécies de serpentes do gênero *Bothrops* no Estado da Bahia, como suporte para o estudo de soroterapias regionalizadas
Processo: 23007.003852/2014-06 **Aprovação:** 17/04/2014
Área: CCAAB - Área 1: Ciências Biológicas
Prazo de execução 02/12/2013 a 04/05/2014

Equipe executora:

Colaboradores

Ilka Biondi - UEFS

Dulcinéia Ferreira de Andrade - UEFS

Discentes

Diego dos Santos Pereira - Bacharelado em Biologia

Resumo: No Brasil, metade das espécies de serpentes do gênero *Bothrops* ocorrem no Nordeste, sendo a Bahia um dos estados com maior incidência de acidentes ofídicos. A sazonalidade leva as serpentes a uma importante diferenciação quando se trata da composição de suas peçonhas. Como os tratamentos para os acidentes ofídicos são específicos para os gêneros, uma variação maior entre as espécies poderia significar ineficácia dos mesmos. A identificação molecular de espécies sugiu como uma ferramenta auxiliar aos estudos taxonômicos, sendo a técnica de DNA Barcoding, pequeno segmento do gene mitocondrial Citocromo Oxidase I (COI ou Cox1), atualmente uma das mais promissoras para a identificação em nível de espécie. Estudos de identificação molecular de serpentes poderão promover o desenvolvimento de soros regionalizados e com ações mais eficazes. O presente trabalho visa revisar o status taxonômico das espécies de serpentes do gênero *Bothrops* que habitam regiões urbanas e rurais no estado da Bahia, utilizando a técnica de DNA Barcoding como suporte para o estudo de soroterapias regionalizadas. O DNA total será extraído das escamas de 40 espécimes de *Bothrops* oriundas de diferentes regiões (urbanas e rurais) da

Bahia e mantidas no Laboratório de Animais Peçonhentos e Herpetologia da UEFS. O gene Cox1 será amplificado por PCR e o produto da amplificação será sequenciado. As sequências “forward” de cada amostra serão comparadas, alinhadas (Muscle, versão 3.6) e serão buscadas semelhanças entre elas (BLAST). Será construído um filograma (CLUSTALW2) e calculadas a diversidade intra-específica e a divergência inter-específica (modelo Kimura 2). Após isso, será construída uma árvore de Neighbor-Joining (NJ).

GIRLENE SANTOS DE SOUZA
Gestora de Pesquisa do CCAAB/UFRB