

004

**ELEIÇÃO DE PROTEÍNA CONSERVADA NO PLASMA SEMINAL DE JUNDIÁ (RHAMDIS QUELEN) PARA ANÁLISE DE EXPRESSÃO GÊNICA.** Vinicius Farias Campos, Paulo Varoni Cavalcanti, Tiago Collares, Fabiana Kömmling Seixas, Odir Dellagostin, João Carlos Deschamps, Heden Luiz Marques Moreira (orient.) (UFPel).

As técnicas de biologia molecular somados aos métodos avançados de reprodução animal, têm proporcionado subsídios aos estudos de diversas funções reprodutivas em diferentes espécies. Nesse contexto o sêmen torna-se foco de diversas linhas de pesquisa como: criopreservação de gametas; fertilização *in vitro*; e geração de animais transgênicos. Proteínas do plasma seminal exercem importantes funções como marcadores bioquímicos de congelabilidade, prolongamento da viabilidade espermática, determinantes seletivos de machos reprodutores em potencial e identificação de genes ativos no tecido espermático. O jundiá (*Rhamdia quelen*), nativo do sul do Brasil, é um dos peixes mais cultivados por piscicultores do RS, recentemente, tem sido utilizado como modelo biológico em estudos de transgenia animal através de transferência gênica em massa. A sua produção de plasma seminal corresponde a 45% de seu ejaculado total, sendo assim um fluido interessante como modelo de expressão de proteínas exógenas. Este trabalho teve por objetivo analisar as proteínas endógenas para determinação de um perfil eletroforético e identificação de proteínas conservadas. Neste trabalho foram utilizadas amostras de 20 animais cultivados na Estação de Piscicultura da UFPel e 20 animais de ambiente selvagem, capturados no Canal São Gonçalo, em Pelotas, RS. O sêmen foi coletado evitando contaminação por fezes e urina e o plasma seminal foi obtido através de centrifugação dos ejaculados a 8000g x 10 min. a 4°C. A eletroforese foi do tipo SDS-PAGE utilizando géis a 12 %. Foi identificada a banda de 26 kDa, presente em todos os machos analisados, tanto nos animais cultivados quanto nos animais de ambiente natural, demonstrando que a variabilidade genética não influenciou nos resultados para esta proteína. Desta forma esta banda foi eleita para o próximo passo deste estudo, que será caracterizar a família proteica e a sequência genômica responsável por esta síntese. (Fapergs).