XXXII Encontro Anual de Iniciação Científica
IX Encontro Anual de Iniciação Científica Jr.
EAIC 2023

PROSPECÇÃO DE ASSINATURAS MOLECULARES DE POPULAÇÕES DE *Limnoperna fortunei*

Iasmin Ieteka (PIBIC)*, Mara Cristina de Almeida, Tiago Marafiga Degrandi, Augusto Luiz Ferreira Júnior, Roberto Ferreira Artoni (Orientador)**. e-mail: *iasmin.ieteka12@gmail.com; **rfartoni@gmail.com

Universidade Estadual de Ponta Grossa - Departamento de Biologia Estrutural, Molecular e Genética.

Área: Genética; Subárea: genética animal.
Palavras-Chave: *Mexilhão-dourado, bivalve, espécie invasora, bioinformática.*

Resumo

O mexilhão dourado, uma espécie invasora introduzida através de água de lastro, causa problemas ambientais e econômicos na América do Sul e Ásia. Este estudo tem como objetivo identificar assinaturas moleculares entre as populações de mexilhões dourados para entender como eles se disseminam em áreas invadidas. Foram coletadas sequências do gene COI de bancos de dados e de populações de diferentes bacias hidrográficas sul-americanas. Essas informações ajudarão a desenvolver estratégias de combate e a compreender as rotas de disseminação do mexilhão dourado em corpos d'água na região neotropical.

Introdução

Desde a era das grandes navegações o transporte marítimo trouxe a introdução de espécies invasoras (MCGEOCH et al., 2006). Por meio de águas de lastro, *Limnoperna fortunei* (Dunker, 1857) foi introduzida em diversas regiões do globo, como na América do Sul (BARBOSA et al., 2016). Com a dispersão e populações estabelecidas distribuídas em diferentes bacias hidrográficas algumas interações podem ocorrer (ZHAN et al., 2012; LUDWIG et al., 2021). Decorrente a isto, métodos moleculares vêm sendo utilizados para analisar essas premissas, como por exemplo a variabilidade, conectividade e fluxo gênico (LUDWIG et al., 2021). Um dos marcadores utilizados são sequências do gene COI do genoma mitocondrial (mtDNA). Esta região apresenta facilidade na aplicabilidade da técnica e a quantidade de informações disponíveis (BERGMANN et al., 2013). Diante disso, buscamos chegar a resultados que possam trazer respostas quanto à conexão populacional do *L. fortunei* e facilitar planos de contenção e de combate desta espécie em áreas invadidas.

Materiais e Métodos

Os 20 espécimes de *L. fortunei* foram coletados em três populações em latitudes distintas da América do Sul: 1. Ilha das Flores, SE, Brasil; 2. Balneário Martin, Capanema, PR, Brasil; 3. Porto Alegre, RS, Brasil. (autorizações: ICMBio número 66625 e IAT 19333058 09/06/2022). Destaque-se que este grupo animal (classificado como invertebrado) não necessita de autorização da comissão de ética, segundo a legislação vigente para pesquisa. Foi coletado tecido do músculo adutor e fixado em álcool P.A. para análises moleculares. No laboratório o DNA foi obtido por meio do protocolo de fenol-clorofórmio segundo SAMBROOK et al. (1989). O processamento e análise das sequências do gene COI foram efetuadas segundo FERREIRA-JR et al. (*Decision in Process in Aquatic Invasions*).

Resultados e Discussão

Após as análises de bioinformática observou-se a não sobreposição estrita de todas os fragmentos das sequências analisadas. As sequências COI obtidas, descritas na literatura e depositadas em bancos de dados variam de 382 a 1.509 pb de comprimento e possuem diferentes localizações no mitogenoma de *L. fortunei*. A posição e o comprimento destes fragmentos do gene COI de *L. fortunei* podem não compreender as mesmas regiões polimórficas observadas nos haplótipos descritos na literatura para este gene (ZHAN et al., 2012; NAKANO et al., 2015) e isto pode causar viés em estudos comparativos. Após .um adequado pareamento de regiões comparáveis entre as sequências, foi possível anotar que um conjunto de polimorfismos únicos (SNPs) se apresenta como ferramenta promissora adicional para a rastreabilidade de conectividade e fluxo gênico entre as populações de *L. fortunei*.

Conclusão

A confirmação do uso de SNPs em conjuntos de haplótipos pode adicionar mais uma peça as estratégias de combate e identificação das rotas de disseminação do mexilhão dourado em corpos d'água sul-americanos.

Agradecimentos

Agradeço à UEPG e empresa Neoenergia pelos subsídios fornecidos, assim como a toda equipe do LabGev pelo apoio no trabalho, ensinamentos e vivências.

BARBOSA, N. P. U. et al. Limnoperna fortunei (Dunker, 1857) (Mollusca, Bivalvia, Mytilidae): first record in the São Francisco River basin, Brazil. **Check List**, v. 12, n. 1, p. 1846-1846, fev. 2016.

BERGMANN, T. et al. The potential of distance-based thresholds and character-based DNA barcoding for defining problematic taxonomic entities by CO 1 and ND 1. **Molecular ecology resources**, v. 13, n. 6, p. 1069-1081, may. 2013.

FERREIRA JR A. L. et al. Limnoperna fortunei (Bivalvia: Mytilidae) in lower São Francisco River, Brazil. **Aquatic Invasions** *Decision in Process in* ago 2023.

LUDWIG, S. et al. High connectivity and migration potentiate the invasion of Limnoperna fortunei (Mollusca: Mytilidae) in South America. **Hydrobiologia**, v. 848, p. 499-513, nov. 2021.

MCGEOCH, M. A. et al. A global indicator for biological invasion. **Conservation Biology**, v. 20, n. 6, p. 1635-1646, nov. 2006.

NAKANO D. et al. Invasion, dispersion, population persistence and ecological impacts of a freshwater mussel (Limnoperna fortunei) in the Honshu Island of Japan. Biological invasions. **Biol Invasions** v. 17, p. 743–759, aug. 2015.

SAMBROOK, J. et al. **Molecular cloning: a laboratory manual**. 2. ed. New York: Cold Spring Harbor, 1989. 21–152 p.

ZHAN, A. et al. Scale-dependent post-establishment spread and genetic diversity in an invading mollusc in South America: Invasion genetics of Limnoperna fortunei. **Diversity and Distributions** v. 18, n. 10, p. 1042–1055, fev. 2012.