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

AVALIAÇÃO DA ESTRUTURAÇÃO POPULACIONAL EM *Salminus hilarii* VALENCIENNES, 1850 (TELEOSTEI: CHARACIFORMES) NO RIO TIBAGI

Kevillyn Lohayne Ribeiro Pereira (PIBIC/CNPq), Larissa Glugoski, Matheus Azambuja, Marcelo Ricardo Vicari, Viviane Nogaroto Vicari (Orientador), e-mail: vivianenogaroto@uepg.br.

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

2.02.00.00-5 Genética e 2.02.04.00-0 Genética Animal.

Palavras-Chave: *Biologia molecular, diversidade, DNA mitocondrial, fluxo gênico, ictiofauna.*

Resumo

A restrição ao fluxo gênico pelo soerguimento de barragens pode ser considerado um dos fatores que contribui com a diminuição da variabilidade genética e potencial adaptativo em espécies de peixes. Com isso, o objetivo desse estudo foi avaliar a estrutura genética da população de *Salminus hilarii* no rio Tibagi. A análise de duas sequências de genes mitocondriais demonstrou variabilidade genética para a espécie. A variabilidade genética encontrada pode ser consequência de estruturação genética populacional em *S. hilarii* pretérita a construção das barragens no rio Tibagi.

Introdução

A construção de barragens para a geração de energia elétrica gera a modificação das condições bióticas e abióticas do meio, causando impactos sobre o fluxo gênico de espécies aquáticas, o que leva a perda da diversidade genética em peixes (AGOSTINHO et al., 2016). Em populações separadas pela construção de barreiras, como é o caso das usinas hidrelétricas, a variabilidade pode ser reduzida pelos efeitos da deriva genética e endocruzamentos, o que resultaria na perda de alelos e declínio da heterozigose, fatores que afetam diretamente a capacidade adaptativa dos organismos (FERGUNSON et al., 1995). Assim, o objetivo desse estudo foi de reconhecer a variabilidade genética de *S. hilarii* do rio Tibagi.

Material e Métodos

Amostras de DNA de quatro exemplares de *S. hilarii* do rio Tibagi foram obtidas e utilizadas para a obtenção das sequências parciais dos genes mitocondriais citocromo C oxidase, subunidade I (COI) e o citocromo B (Cyt B). As sequências foram concatenadas e analisadas para obtenção da distância genética, diversidade haplotípica (h), diversidade nucleotídica (π) e construção de uma rede haplotípica.

Resultados e Discussão

Amplicons obtidos para os genes mitocondriais COI e Cyt B foram checados em gel de agarose 1% (Figura 1a). A matriz obtida (COI + Cyt B) após análise do sequenciamento apresentou 1.136 pb e identificados três haplótipos (Figura 1b). Nas sequências, foram encontrados 16 sítios polimórficos, a diversidade haplotípica foi de 0,833 e a diversidade nucleotídica π = 0,00719 (Tabela 1). A distância genética entre os H variou de 0 a 1,34 %. Análises em *S. hilarii* de outros sistemas hidrográficos brasileiros já demonstraram diferenciação genética histórica devido ao isolamento reprodutivo de populações em tributários de médio porte dessas bacias (da SILVA et al., 2015). Assim, é provável que as diferenças genéticas encontradas para *S. hilarii* amostrados no rio Tibagi representem a diferenciação genética histórica da população.

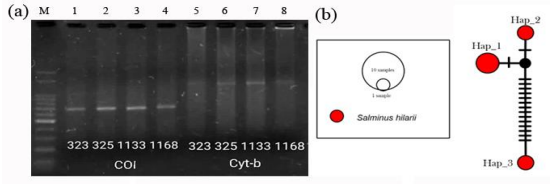


Figura 1. Em (a) gel de agarose 1% demonstrando a amplificação de COI (~700 pb) e cyt-b (~1400 pb) respectivamente, a partir de amostras de DNA dos quatro exemplares de peixes coletados; em (b) rede haplotípica e diferenças mutacionais nas sequências avaliadas.

Tabela 1. Distância genética entre as sequências/indivíduos.

Indivíduo	323	325	1133	1168
323	-	0,0000	0,0013	0,0035
325	0,0000	-	0,0013	0,0035
1133	0,0018	0,0018	-	0,0035
1168	0,0134	0,0134	0,0134	-

Conclusão

Os resultados demonstraram variabilidade genética para *S. hilarii* do rio Tibagi. Estudos com um N maior e entre as regiões a montante e jusante da barragem em Tibagi são necessários para melhor caracterização da diferenciação genética e estruturação populacional.

Agradecimentos

CAPES, Fund. Araucária e CNPq pela bolsa concedida.

AGOSTINHO, A.A.; GOMES, L.C.; SANTOS, N.C.L.; PELICICE, F.M. Fish assemblages in Neotropical reservoirs: colonization patterns, impacts and management. **Fisheries Research**, v. 173, p. 26–36, 2016.

FERGUNSON, A.; TAGGART, J.B.; PRODOHL, P.A.; MCMEEL, O.; THOMPSON, C.; STONE, C. The application of molecular markers to the study and conservation of fish population, with special reference to *Salmo*. **Journal of Fish Biology**, v. 47, p. 102-126, 1995.

SILVA, J.V.D.; HALLERMAN, E.M.; ORFÃO, L.H.; HILSDORF; A.W.S. Genetic structuring of *Salminus hilarii* Valenciennes, 1850 (Teleostei: Characiformes) in the rio Paraná basin as revealed by microsatellite and mitochondrial DNA markers. **Neotropical Ichthyology**, v. 13, p. 547-556, 2015.

ISSN 1676-0093