

## Diversidade genética do domínio hipervariável da região controle do mtDNA encontrada em populações de Lagosta Espinhosa, *Panulirus echinatus*, de Ponta Grossa - CE

Soares, AG<sup>1</sup>; Britto, FB<sup>2</sup>; Diniz, FM<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Aluna de Mestrado do Programa de Genética e Biologia Molecular da UFPA

<sup>2</sup> Universidade Federal do Piauí - UFPI

<sup>3</sup> Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA MEIO-NORTE  
adilana.soares@gmail.com

**Palavras-chave:** genética populacional, região controle, diversidade genética, lagosta, DNA mitocondrial.

O conhecimento da diversidade genética entre populações de lagosta espinhosa, *Panulirus echinatus*, sob intensa exploração pesqueira, é de fundamental importância à conservação da espécie e manutenção da pesca como atividade de valor econômico. A diversidade genética do domínio hipervariável da região controle (*HV-CRD1*) do DNA mitocondrial do estoque de Ponta Grossa - CE (PG), comunidade cuja economia se baseia na pesca de lagosta, foi investigada e comparada a diversidade apresentada pelo estoque de Penedos de São Paulo e São Pedro (PSP). Essa região, por não ser uma região codificante, é mais sensível como marcador populacional apresentando uma alta taxa de evolução. Dentro dessa região, os domínios periféricos, possuem uma alta taxa de substituição de bases comparada ao domínio central. Amostras de DNA de 16 indivíduos foram obtidas de tecido muscular, digeridos com Proteinase K e 20% dodecil sulfato de sódio, seguindo o método PCI (Phenol - Chloroform - Isoamyl Alcohol) (25:24:1, v/v/v). Fragmentos de 521 bp foram obtidos por PCR, seguida de eletroforese em gel de agarose, utilizando os primers *CRL-F* e *CRL-R*. Os produtos da PCR foram purificados com *Qiagen Qiaquick PCR Purification columns* e sequenciados em ambas as direções (*Forward* e *Reverse*), utilizando-se *ABI Prism Big Dye Ready Mix* (Applied Biosystems) e os primers *CRPa-F* e *CRPa-R*. Seguiu-se a análise em sequenciador *ABI Prism Model 310 Automated DNA Sequencer* (Applied Biosystems). As sequências foram inspecionadas com *CHROMAS v.2.23*, alinhadas com *CLUSTAL W*, implementado no *BIOEDIT*, e analisadas com *MEGA4* e *DNAsp*. Para as análises, utilizou-se o modelo de substituição *Kimura-2-parameter*. A composição nucleotídica do domínio hipervariável foi *AT-rich*, apresentando 62,6% de bases A+T e 37,4% de bases C+G. A composição nucleotídica é similar em outros invertebrados e concordante com a relação: A (35,1%) > T(27,5%) > C(23,5%) > G(13,9%). As sequências apresentaram 478 sítios conservados, 43 variáveis, sendo 15 destes “singletons” e nenhum *indel*. A estimativa da diversidade (*d*) dentro das populações foi menor na população de Ponta Grossa (0.008) que na população Penedos (0.033). Isso pode ser reflexo da perda de estoques causada pela pesca predatória. A diversidade genética entre os grupos foi de 0.023. A região apresentou 14 haplótipos distintos. A diversidade haplotípica (*Hd*) entre as populações foi de 0,975 e a diversidade nucleotídica (*p*) foi de 0.018. O nível de divergência baseado na região controle observado dentro das populações de *Panulirus echinatus* foi de pequena magnitude comparada aos níveis encontrados para *P. argus*.