

[291] PST383 - **FILOGEOGRAFIA DE RACHYCENTRON CANADUM EM CINCO ESTADOS DA COSTA BRASILEIRA.**

ALCEBIADES RENATO NEPOMUCENO; DANIELLE ASSIS DE FARIA; EDUARDO GOMES SANCHES; PAULO CÉSAR FALANGHE CARNEIRO; ALEXANDRE NIZIO MARIA; FABIOLA DOS SANTOS FOGAÇA; CONCEPTA MC MANUS; ALEXANDRE RODRIGUES CAETANO; SAMUEL REZENDE PAIVA; LILLIAN CRISTINA GOMES CAVALCANTI *EMBRAPA - CENARGEN, BRASÍLIA, DF, BRASIL. Palavras-chave:* Cobia; citocromo b; diversidade genética

Resumo:

Filogeografia de *Rachycentron canadum* em cinco Estados da costa brasileira.

Alcebiades Renato Nepomuceno*, Danielle Assis de Faria, Lillian Cristina Gomes Cavalcanti, Gleison Ricardo de Biazio, Naiara Milagres Augusto da Silva, Eduardo Gomes Sanches, Paulo César Falanghe Carneiro, Alexandre Nizio Maria, Irani Alves Ferreira Bravo, Fabiola Helena dos Santos Fogaça, Concepta McManus, Alexandre Rodrigues Caetano, Samuel Rezende Paiva.

Alcebiades.rna@hotmail.com Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. SAIN Parque Estação Biológica AV. Final Av. W5 norte Cx Postal 2372 Cep: 70770-917 Brasília-DF- Brasil

Cobia (*Rachycentron canadum*), também conhecido como bijupirá, é uma das espécies de peixes marinhos de água quente com grande potencial para a aquicultura no mundo. Atualmente, o bijupirá é cultivado em viveiros e gaiolas em grande parte da Ásia e da costa dos EUA, México e Panamá, tendo a China e Taiwan como os principais produtores, com mais de 15 milhões de toneladas por ano. O Brasil iniciou, há alguns anos, um programa visando potencializar a criação do bijupirá em sua costa por meio da execução de vários estudos de sua biologia reprodutiva bem como padrões de diferenciação genética dos estoques naturais. Desta forma, o presente trabalho teve o objetivo analisar a diversidade genética de 89 amostras selvagens (BA, CE e PI) e de cativeiro (SP e PE) dessa espécie, para subsidiar a criação dos futuros programas de melhoramento e conservação do bijupirá no país. Foram sequenciados 1073 pares de bases da região mitocondrial do citocromo B (CYT B). Oito sítios variáveis foram identificados que formaram também o mesmo número de haplótipos com uma diversidade nucleotídica (π) de 0,00143 e uma diversidade haplotípica de 0,691. Uma análise comparativa com oito sequências retiradas do GeneBank (NCBI), para um fragmento com 352 nucleotídeos da região do CYT B (N=97animais), revelou a existência de cinco sítios variáveis que formaram seis haplótipos. Destes apenas três foram observados na costa brasileira. A análise de Network indica uma baixa divergência genética entre os haplótipos (máximo 2 sítios polimórficos) mas uma estruturação filogeográfica relativa entre os pontos de coleta no Brasil, Estados Unidos e Taiwan. Adicionalmente, os animais coletados em Pernambuco foram os mais distintos dos demais da costa brasileira e apresentaram semelhança com os dos Estados Unidos, provavelmente pelo fato dos mesmos serem de cativeiro e terem sido originados a partir de animais importados. Novos genes mitocondriais e uma bateria de marcadores de microssatélites estão sendo analisados para que se tenha uma visão mais holística da distribuição da diversidade genética do bijupirá no Brasil, de forma que os resultados subsidiem, a curto prazo, a formação do Banco de germoplasma da espécie.

Palavra-chave: Cobia, citocromo b, diversidade genética, recursos genéticos animais, mtDNA

Apoio: MPA, CNPq, INCT e Embrapa.

[307] PST384 - **CORRELAÇÃO FENOTÍPICA ENTRE O PESO CORPORAL DE JUVENIS DE HOPLIAS LACERDAE COM AS MEDIDAS E RAZÕES MORFOMÉTRICAS**

SHAYENNE ELIZIANNE RAMOS; ADRIANO CARVALHO COSTA; HORTÊNCIA APARECIDA BOTELHO; ANA CARINA NOGUEIRA VASCONCELOS; ISADORA MARQUES PAIVA; LUIS DAVID SOLIS MURGAS *UNIVERSIDADE FEDERAL DE LAVRAS, LAVRAS, MG, BRASIL. Palavras-chave:* Comprimento corporal; altura do dorso; largura do dorso

Resumo:

Estudos sobre os pesos e rendimentos corporais de peixes têm grande importância, pois, através deles, pode-se fazer uma estimativa da produtividade. Para algumas espécies de peixes já foi descrito que há uma relação entre as medidas e razões morfométricas com o peso dos animais, sendo essa metodologia muito utilizada por ser eficiente, barata e de fácil manipulação. Deste modo, o trabalho teve como objetivo avaliar a correlação fenotípica entre o peso corporal de juvenis de traírao (*Hoplias lacerdae*) com as medidas e razões morfométricas. Este estudo foi realizado em outubro de 2012 no Biotério de Peixes da Universidade Federal de Lavras. Foram utilizados 87 exemplares de traírao, com peso médio de 0,016 kg \pm 0,001, os quais foram eutanasiados, pesados e submetidos à análise morfométrica: comprimento corporal (CP); altura do dorso (AD); largura do dorso (LD). Em complementação foram calculadas suas razões morfométricas AD/CP; LD/CP; e LD/AD. Posteriormente, os coeficientes de correlação entre o peso corporal e as variáveis morfométricas (medidas e razões) foram obtidos utilizando o método de Pearson. Utilizou-se o programa computacional R versão 2.13.0 e sua significância verificada pelo teste de t ao nível de 5 % de probabilidade. Observou-se que todas as medidas morfométricas avaliadas apresentaram alta correlação com o peso corporal (CP = 0,97; AD = 0,94; e LD = 0,92). Em relação às razões morfométricas, observou-se que estas não apresentaram correlação com o peso corporal. Portanto, o peso corporal de juvenis de traírao pode ser avaliado indiretamente através do comprimento corporal, altura do dorso e largura do dorso.

[319] PST385 - **AMPLIFICAÇÃO E CLONAGEM DO GENE SOX9 EM TAMBAQUI (COLOSSOMA MACROPOMUM)**

GILVANA FIGUEIRA GUALBERTO; GILVAN FERREIRA DA SILVA; JEFFERSON CHAGAS DA CRUZ; FERNANDA LOUREIRO DE ALMEIDA *EMBRAPA AMAZONIA OCIDENTAL, MANAUS, AM, BRASIL. Palavras-chave:* Família sox; determinação sexual; bacia amazônica

Resumo:

Colossoma macropomum, pertence à ordem Characiformes, família Serrasalmidae. É uma espécie de peixe nativa da bacia amazônica com alto valor comercial, o que estimula a sua criação em cativeiro. O fator de transcrição *SOX9* é membro da família Sox (*Sry*-related HMG Box) que é conservado em vertebrados e possui um papel crítico na determinação sexual em machos. O Objetivo deste trabalho foi amplificar e clonar parte do gene que codifica o fator de transcrição *SOX9* visando o sequenciamento e posterior estudo de seu papel na diferenciação sexual do tambaqui. Com base na sequência (mRNA) de nove diferentes espécies de peixes, foram desenvolvidos três primers degenerados para o gene *sox9*: *sox9F1* (ATGAATCTCTCGABYSHTACC), *sox9F2* (GTGTCNCARGTGYTSA ARGGC) e o *sox9 R1* (GGSAYRGACTGRTCRAACTC). Para a amplificação e clonagem, RNA total de testículos de machos adultos de tambaqui foi extraído com o auxílio do kit RNA easy (Qiagen), quantificado e tratado com DNase. A síntese de cDNA foi realizada com High Capacity cDNA reverse Transcription kit (Applied Biosystems 4368814) e a clonagem realizada com o vetor pCR 2.1 com o TA cloning kit (Invitrogen). Dos primers degenerados utilizados, apenas a combinação *sox9F1/sox9R1* gerou um fragmento único e do tamanho esperado (~850 pares de base) e foi escolhido para clonagem, que foi confirmada por PCR com os primers M13 e específicos. Para confirmar que a sequência clonada corresponde ao gene *sox9*, foi realizada clivagem com *Pst1* (CTGCAG) que possui um sítio em todas as espécies analisadas em torno de 600pb. Os resultados do PCR-RFLP

geraram dois fragmentos conforme o esperado. O sequenciamento do fragmento clonado será realizado para confirmação e posterior uso deste gene em estudo sobre regulação da diferenciação testicular em tambaqui por meio de PCR quantitativo.

[321] PST386 - DESENVOLVIMENTO DE PRIMERS DEGENERADOS PARA GENES ENVOLVIDOS NA DIFERENCIAÇÃO SEXUAL TESTICULAR EM PEIXES

GILVANA FIGUEIRA GUALBERTO; GILVAN FERREIRA DA SILVA; JEFFERSON CHAGAS DA CRUZ; FERNANDA LOUREIRO DE ALMEIDA
EMBRAPA AMAZONIA OCIDENTAL, MANAUS, AM, BRASIL. **Palavras-chave:** Sry; dmrt1, sox9; colossoma macropomum

Resumo:

As novas técnicas de sequenciamento tem permitido o aumento no número de genomas completos disponíveis em bancos de dados, contudo, para muitas espécies de peixes nativos de regiões tropicais, não existe seqüências disponíveis de genes relacionados a vias metabólicas importantes como os genes *sry*, presente no cromossomo Y e o gene determinante para a diferenciação sexual dos machos. Em aves, o principal gene regulador da formação testicular é o *dmrt1* (doublesex and *mab-3* related transcription factor 1). Entretanto, dependendo da espécie de peixe, esta função pode não ser exclusiva do *dmrt1*, mas também de outros genes, como o hormônio anti-mulleriano (*amh*) e seus receptores. Assim, para cada espécie de teleosteo, um gene diferente pode ser o condutor da diferenciação sexual de machos. O gene *sox9*, por sua vez, em mamíferos, aves e teleosteos é o mediador da formação testicular. Deste modo, o objetivo deste trabalho foi desenvolver primers degenerados para amplificação de genes envolvidos na diferenciação testicular em peixes (*amh*, *sox9* e *dmrt1*), contribuindo para estudo destes genes em diferentes espécies que não possuem genoma completo ou seqüência destes genes disponíveis. O desenvolvimento de primers degenerados para os três genes foi realizado com base em motivos conservados em cada uma das proteínas que estes codificam, comparando a seqüência de aminoácido e o alinhamento da seqüência de mRNA disponível no NCBI. Quatro primers (dois forward e dois reverse) foram desenhados para o gene *amh* com base em seqüência de mRNA de 10 espécies de peixes, três primers (dois forward e um reverse) para *dmrt1* com base em 12 diferentes espécies e para gene *sox9* foram desenhados também três primers (dois forward e um reverse) com base no alinhamento de mRNA de nove espécies. Para testar as diferentes combinação dos primers aqui desenvolvidos para cada gene, mRNA de testículos de machos adultos de tambaqui foi extraído com o auxílio do kit RNA easy (Qiagen), tratado com DNase e a síntese de cDNA foi realizada com High Capacity cDNA reverse Transcription kit (Applied Biosystems 4368814). RT-PCR para as diferentes combinações de primers degenerados para *amh*, gerou mais de um fragmento, sendo um deles do tamanho esperado, já para o gene *sox9* e *dmrt1* foram geradas bandas únicas, de 850 e 480 pb respectivamente conforme o tamanho esperando para seqüências baseadas em mRNA.

[332] PST387 - ESTUDOS POPULACIONAIS DE DUAS ESPÉCIES DO GÊNERO PSEUDOPLATYSTOMA (P. CORRUSCANS E P. RETICULATUM) (SILURIFORMES: PIMELODIDAE) NA BACIA DO RIO PARANÁ-PARAGUAI.

LORRANY RODRIGUES SILVA¹; JOSI MARGARETE PONZETTO²; MARIANA SARAGIOTTO S. ALVES¹; EDUARDO SOUSA VARELA³;
ANDERSON RODRIGUES ALVES³ 1.FACULDADE CATÓLICA TOCANTINS, PALMAS, TO, BRASIL; 2.UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS, SÃO CARLOS, SP, BRASIL;
3.EMBRAPA PESCA E AQUICULTURA, PALMAS, TO, BRASIL. **Palavras-chave:** Dna mitocondrial; conservação recursos genéticos; fst

Resumo:

A estrutura genética das populações de peixes nativos, ainda é pouco conhecida, sendo escassos os estudos nessa área. Considerando que os bagres do gênero *Pseudoplatystoma* figuram entre as principais espécies de peixes nativos, definir a distribuição da variabilidade genética das populações e a composição dos estoques são de fundamental importância para implantação de programas de melhoramento genético e de conservação destas espécies, cada vez mais ameaçadas pela produção e escape de híbridos interespecíficos na natureza. Nesse sentido, a presente proposta pretende caracterizar a variabilidade genética e estabelecer as relações filogeográficas de três espécies do gênero *Pseudoplatystoma*, da bacia dos rios Paraná-Paraguai. Sendo 31 exemplares de *P. reticulatum* (14 do rio Cuiabazinho; 12 do rio Aquidauana; 1 da UHE Lajeado-To; 3 do rio Miranda, 1 do rio Paraguai), 21 de *P. corruscans* (3 do rio Cuiabazinho, 5 do rio Paraguai, 6 do rio Miranda, 7 do rio Aquidauana), e 2 de *P. punctifer* (rio Tocantins), tendo como grupo externo *Rhamdia laticauda* (1) (geneBank). O gene ATPase 8/6 foi completamente sequenciado (842pb) e as análises filogenéticas foram conduzidas pelo software MEGA 5.0. As topologias constataram que o gênero *Pseudoplatystoma* é monofilético, no entanto a espécie *P. reticulatum* foi considerada polifilética, sendo constituída de um grande clado composto pelas espécies de *P. reticulatum* e *P. punctifer*. As distâncias genéticas dentro das populações de *P. corruscans*, *P. punctifer* e *P. reticulatum* foram de 0,2%, 0,5% e 0,3% respectivamente. E a distância genética entre as populações foi de 6,9% para *P. corruscans* e *P. punctifer*, 6,6% para *P. corruscans* e *P. reticulatum*, e 0,6% para *P. punctifer* e *P. reticulatum*. E destas para o grupo externo foi acima de 17% de divergência. Estes dados se refletem nos resultados obtidos pelas análises de variância molecular (AMOVA), onde os valores para Fst obtidos entre as populações (*P. corruscans* X *P. punctifer* e *P. reticulatum*) foi de 0,96, permitindo indicar grande divergência genética entre elas, já os valores de Fst=0,48 obtidos entre as populações *P. punctifer* e *P. reticulatum* indicam que a divergência genética dentre estas é muito baixa. Análises filogeográficas mostraram 23 haplótipos para o gênero *Pseudoplatystoma*, sendo 16 para *P. punctifer* e *P. reticulatum*, e 7 para *P. corruscans*. Os resultados obtidos, ainda que preliminares, parecem indicar que as espécies *P. punctifer* e *P. reticulatum* possuem divergência genética muito baixa para espécies distintas, permitindo sugerir origem muito recente.

[334] PST388 - DIVERSIDADE GENÉTICA POPULACIONAL DO JARAQUI SEMAPROCHILOS INSIGNIS (CHARACIFORMES: PROCHILODONTIDAE) NA BACIA DO RIO TAPAJÓS

VANESSA MENDES BARROS¹; AURISAN DA SILVA BARROSO¹; JOSI MARGARETE PONZETTO²; EDUARDO SOUSA VARELA³;
ANDERSON RODRIGUES ALVES³ 1.FACULDADE CATOLICA DO TOCANTINS, PALMAS, TO, BRASIL; 2.UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS, SAO CARLOS, SP,
BRASIL; 3.EMBRAPA PESCA E AQUICULTURA, PALMAS, TO, BRASIL. **Palavras-chave:** Mtdna; recursos genéticos; amova

Resumo:

Os peixes popularmente conhecido como jaraquis pertencem ao gênero *Semaprochilodus*, que possui seis espécies descritas na literatura. As espécies *S. insignis*, *S. brama* e *S. taeniurus* se destacam pela abundância nos principais afluentes do rio Amazonas (Xingu, Tapajós, Madeira, Araguaia-Tocantins) e também por serem apreciados nos estados da região. Os jaraquis são peixes migradores de médio porte e formam populações com grande número de indivíduos, no entanto, a crescente instalação de UHE nos rios Amazônicos pode influenciar no fluxo gênico e na manutenção da diversidade genética das espécies do gênero que ainda são pouco estudadas tanto populacional quanto taxonomicamente. Nesse sentido, o objetivo do trabalho foi à caracterização da diversidade genética e estruturação populacional da espécie *S. insignis* na bacia do rio Tapajós (São Luiz do Tapajós, PA). Foram utilizados 95 exemplares da espécie *S. insignis* coletadas em dez tributários e na calha principal do rio Tapajós, um dos principais afluentes da margem direita do rio Amazonas. Para tanto, as amostragens foram divididas a montante (M=44) e a jusante (J=51) do eixo da futura barragem de uma UHE. Como grupo externo para as análises genéticas foram usadas seqüências de *Semaprochilodus* n. sp. (2) e *Prochilodus lineatus* (1) obtidas no Genbank. O gene ATPase 8/6 foi completamente sequenciado (842pb), as análises filogenéticas foram conduzidas pelo software Paup 4.0, e as análises populacionais (AMOVA, Fst) foram realizadas no software Arlequin 3.5. A topologia gerada a partir da análise das seqüências apresentou a divisão da espécie em duas linhagens, sendo a linhagem A composta por 63 exemplares e a linhagem B composta por 32, ambas portando tanto exemplares a montante quanto a jusante da futura barragem da UHE. As distâncias genéticas dentro das linhagens A e B foram de 0,3% e 0,1% respectivamente, e entre elas foi de 11,2%. As análises de variância molecular (AMOVA) indicaram não haver diferenças genéticas (FST = -0.019; P = 0.81) entre as localidades amostradas (jusante e montante), assim como as distâncias genéticas dentro das linhagens. No entanto, os dados permitem sugerir uma estruturação genética entre as linhagens A e B (FST = 0.98; P = 0.00) apesar do caráter migratório da espécie. A forte estruturação genética observada, bem como a elevada diversidade genética (11,2%) entre as linhagens sugerem que os dois cladoss possam ser compostos por espécies distintas: *S. insignis* e