

C. Ciências Biológicas - 8. Genética - 1. Genética Animal

Estudos genéticos da ictiofauna da bacia do médio e baixo Paraguaçu-BA, através de marcadores ISSR.

Alison Eduardo Melo da Paixão ¹

Patricia Reis de Oliveira Silva ¹

Luiz Gustavo da Silva Azevedo ¹

Soraia Barreto Aguiar Fonteles ¹

1. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia

INTRODUÇÃO:

A bacia do Rio Paraguaçu - BA tem sido alvo de diversas ações antrópicas sendo a principal delas a construção de 17 barramentos ao longo do rio. O barramento de um rio provoca notáveis alterações na comunidade aquática, em especial sobre a ictiofauna. As respostas da fauna aquática neotropical e as modificações hidrológicas proporcionadas pelos barramentos não estão ainda completamente claras. As peculiaridades da fauna local, características do reservatório, o desenho da barragem, procedimentos operacionais, usos da bacia, natureza do solo, vazão e interações resultantes entre estas variáveis constituem uma amostra dessa complexidade. Esse fato associado a grande influência provocada pela degradação que os mananciais aquáticos vêm sofrendo e a grande exploração das espécies que neles habitam, fazem dos estudos genéticos uma importante ferramenta para auxiliar na identificação de espécies e no monitoramento das variações genéticas ocorridas em estoques pesqueiros. Esses conhecimentos são dados indispensáveis em programas de conservação, a fim de evitar o declínio da variabilidade genética e o desaparecimento de espécies nativas.

METODOLOGIA:

Foi coletado um total de 121 exemplares. De cada indivíduo foi retirada uma porção de aproximadamente 1cm² da nadadeira caudal. O material foi acondicionado em tubos Eppendorf e estocado em álcool etílico. As amostras foram levadas ao laboratório para a organização do banco de tecido, extrações do DNA e análise com marcadores moleculares. O DNA foi extraído de acordo com o protocolo fenol: clorofórmio descrito por Sambrook e colaboradores (1989), a concentração e pureza foram medidas em espectrofotômetro. Os padrões de amplificação de fragmentos de DNA flanqueados por seqüências repetitivas foram obtidos através do emprego da técnica de SPAR-PCR, proposta por Gupta et al., 1994. A amplificação foi realizada em termociclador Eppendorf Mastercycler Gradient. Os produtos de amplificação foram separados em gel de agarose 1,4% e corados com brometo de etídio (5 mg/L). A visualização dos padrões foi feita sob luz ultravioleta e os géis fotografados em sistema de fotodocumentação de gel.

RESULTADOS:

A partir do material coletado foi criado um banco de tecidos. Nas extrações foram obtidas excelentes concentrações de DNA, variando entre C= 30 ng/μl e C= 75 ng/μl e um grau de pureza excelente variando entre P = 1,7 e P = 1,8, Isto possibilita um melhor aproveitamento dessas amostras. Através da técnica SPAR-PCR foram realizadas amplificações, que refletiram diretamente a distribuição de seqüências repetitivas simples no genoma dos espécimes. Os marcadores apresentaram bandas principais monomórficas e bandas secundárias polimórficas, caracterizados da seguinte forma: GGAC □ três padrões; AAGC □ quatro padrões; e, TAGG □ dois padrões. Embora haja uma diferença marcante na frequência de ocorrência desses padrões dentro das populações, os resultados são insuficientes para se determinar se há algum nível de estruturação entre elas, o que deverá ser feito com o aumento da amostragem analisada e a implementação de novos marcadores. A técnica SPAR também tem gerado marcadores diagnósticos em outras espécies de peixes. Os primers testados e selecionados para a amplificação do DNA via PCR produziram diferentes padrões de fragmentos SPAR.

CONCLUSÃO:

Esse estudo define o perfil genético da peracuca para três marcadores genéticos nucleares e sugere níveis de diversidade molecular intrapopulacional de grande importância na manutenção da viabilidade e sobrevivência da espécie, contribuindo para a conservação do potencial biológico das populações de peixes. Esse material pode servir como um instrumento, podendo definir uma política de manejo do patrimônio genético de *Kalyptodoras bahiensis*, viabilizando assim a conservação dessa espécie.

Instituição de Fomento: FAPESB

Palavras-chave: Conservação, DNA, Marcadores moleculares.