



XIII Congresso de ECOLOGIA

III International Symposium of Ecology and Evolution

Múltiplas ecologias: evolução e diversidade

08 a 12 de outubro de 2017 • UFV - VIÇOSA | MG

BAIXA DIVERSIDADE GENÉTICA E ALTA DIVERSIDADE CARIOTÍPICA EM *Astyanax rivularis* LÜTKEN 1875 (CHARACIFORMES, CHARACIDAE)

Matheus Bonaccorsi^{1*}, Renan Rocha², Karine Kavalco¹, Rubens Pazza¹

1. Laboratório de Genética Ecológica e Evolutiva, Universidade Federal de Viçosa - *Campus* Rio Paranaíba (LaGEEvo UFV-CRP), Rio Paranaíba, Minas Gerais, Brasil; 2. Programa de Pós-Graduação em Manejo e Conservação de Ecossistemas Naturais e Agrários, Universidade Federal de Viçosa – *Campus* Florestal, Florestal, Minas Gerais, Brasil. *Contato: matheusdrlewi@outlook.com

Tema/Meio de apresentação: Evolução/Pôster

O complexo de espécies denominado *Astyanax scabripinnis* é caracterizado por apresentar grande diversidade cariotípica. Esta diversidade abrange a descrição de diferentes números cromossômicos, distintas fórmulas cariotípicas e presença de cromossomos supranumerários. Neste grupo destacamos *Astyanax rivularis*, espécie endêmica da bacia do rio São Francisco que reflete a diversidade cariotípica do grande grupo, apresentando números diploides variando entre 46, 48 ou 50 cromossomos. O objetivo do presente trabalho foi relacionar a diversidade cromossômica de citótipos simpátricos de *A. rivularis* com sequências de DNA mitocondrial. Os espécimes foram coletados no Córrego Lage, cidade de Arapuá – MG. Cromossomos mitóticos foram obtidos através da técnica de *air drying* e, posteriormente, corados por coloração convencional por Giemsa. As imagens das metáfases encontradas foram obtidas com câmera digital em fotomicroscópio e examinadas em computador para montagem dos cariótipos. O DNA foi extraído de amostras de tecidos de fígado e nadadeiras. Sequências mitocondriais das subunidades 6 e 8 da ATP sintase foram amplificadas e enviadas para sequenciamento por serviço terceirizado. As sequências foram alinhadas e analisadas com o programa MEGA v6.0. Os exemplares estudados apresentaram diferentes números cariotípicos sendo $2n=46$ (6m+30sm+10st/a), $2n=48$ (6m+28sm+14st/a) e $2n=50$ (6m+28sm+16st/a). A análise do gene mitocondrial dos indivíduos revelou certa estruturação populacional relacionada com o número cromossômico. Entretanto, a distância genética entre os citótipos foi pequena. Portanto, observamos uma baixa diversidade genética e alta diversidade cariotípica. A situação cariotípica pode ser explicada pela fixação de rearranjos Robertsonianos em um curto período de tempo, amplificado pelos constantes cruzamentos dentro das pequenas populações dos ambientes de riacho. Enquanto isso, o fato de estas populações de cabeceiras serem isoladas de outras, pode ser o responsável pela manutenção de contingentes gênicos únicos de cada uma delas. Desta forma, conclui-se que apesar de os citótipos acima se diferirem, o mitocondrial os agrupam como uma única população.

Apoio financeiro: FAPEMIG e CNPq