

ESTUDOS MOLECULARES EM *Mytella guyanensis* (LAMARCK, 1819): COMPARAÇÕES ENTRE POPULAÇÕES DO PARÁ, SERGIPE E ESPÍRITO SANTO.

Márcia Luciana dos Santos Potiguar (1); Colin Robert Beasley (2); Denise Ribeiro de Sousa (1); Nelane do Socorro Marques-Silva (1) & Cláudia Helena Tagliaro (1).

(1) Laboratório de Conservação e Biologia Evolutiva; (2) Laboratório de Moluscos; UFPA, Bragança (PA)

mlpotiguar@yahoo.com.br

1-INTRODUÇÃO

A *Mytella guyanensis*, conhecida como sururu, pertence ao filo Mollusca, classe Bivalvia, subclasse Pteriomorpha, ordem Mytiloidea, família Mytilidae e gênero *Mytella*. O gênero *Mytella* (Soot-Ryen, 1995) encontra-se com frequência no litoral da América do Sul e Central (Narchi & Galvão-Bueno, 1983). No Brasil ocorrem quatro gêneros de Mytilidae, usados para o cultivo e exploração como alimento: *Brachidontes*, *Perna*, *Mytilus* e *Mytella* (Boffi, 1979).

Os bivalves da família Mytilidae são conhecidos vulgarmente como mexilhões; e têm sido objeto de muitas pesquisas no Brasil (Oliveira, 1982; Pereira Barros, 1987; Marques *et al.*, 1991). Além da importância ecológica possuem grande importância econômica pois são fonte de alimento em muitos países em desenvolvimento. Os mexilhões transformam a produção primária fitoplanctônica em carne comestível, apresentando uma das mais elevadas capacidades de conversão dentro da cadeia alimentar (Andreu, 1976). Eles constituem uma fonte proteica de excelente qualidade nutritiva e seu valor biológico é superior aos demais mariscos, tanto pelo seu elevado índice de retenção de nitrogênio como pela sua contribuição com fonte de proteínas e vitaminas (Larralde *et al.*, 1965).

2- OBJETIVOS

Pouco se conhece sobre as relações entre populações de *Mytella guyanensis* e este estudo visa:

- a caracterizar geneticamente populações da espécie *Mytella guyanensis* de ocorrência nos estuários de um estado da costa nordeste, um do sudeste e um do norte;
- avaliar se o gene codificador da citocromo oxidase c subunidade 1 é informativo para caracterizar filogeograficamente as populações de *Mytella guyanensis*;
- identificar os haplótipos populacionais para as populações do Pará, Sergipe e Espírito Santo;
- testar a homogeneidade entre as populações do Pará, Sergipe e Espírito Santo.

3- MATERIAL E MÉTODOS

As amostras foram coletadas nas localidades de Bragança (Pará, N=10), Aracajú (Sergipe, N=15) e Vitória (Espírito Santo, N=10). Estas localidades foram escolhidas por representarem a costa Norte, Nordeste e Sudeste, respectivamente. Ao final da pesquisa pretende-se sequenciar e analisar 30 indivíduos de cada localidade.

O DNA total das amostras, foi extraído do músculo adutor usando o protocolo de fenol-clorofórmio. O gene da citocromo oxidase C foi parcialmente sequenciado e foi escolhido por ter sido usado com sucesso para caracterizar populações de bivalves (Renard *et al.*, 2000). Os fragmentos mitocondriais (COI) foram amplificados por PCR utilizando primers específicos. (Folmer *et al.*, 1994): LCO 1490 5'-GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG-3', HCO 2198 5'-TAAACTTCAGG GTGACCAAAAATCA-3'. e sequenciados no sequenciador Mega Bace 1000.

As sequências parciais da COI de trinta e cinco indivíduos foram alinhadas utilizando o programa BioEdit (Hall, 1999) e o Clustal X (Thompson, 1997). Uma sequência de COI de *Mytella falcata*, obtida em estudos prévios, foi utilizada como referência para os alinhamentos. O teste de saturação foi executado usando o programa DAMBE (Xia e Xie, 2001). As frequências nucleotídicas, a taxa transição/transversão, a matriz de distâncias por Kimura 2-P e as árvores filogenéticas (máxima parcimônia e agrupamento de vizinhos) foram obtidas usando o programa Mega versão 2.1 (Kimura *et al.*, 2001). Foram os valores de bootstrap foram obtidos a partir de 1000 pseudoréplicas.

5 – RESULTADOS E DISCUSSÃO

Após alinhados, os fragmentos da COI apresentaram 604 sítios nucleotídicos. Sem considerar o grupo externo (amostra Mf080305no), 17 sítios foram variáveis e 7 foram informativos para parcimônia. As frequências nucleotídicas médias para COI foram de 41,0 (T), 13,9 (C), 23,8 (A) e 21,3 (G) e a taxa de transição / reversão foi 0,8. Através do programa DAMBE foi verificado que não houve saturação dos dados. A matriz de distâncias mostrou pouca divergência e entre as três populações que variou de 0 a 0,026. As divergências interpopulacionais entre os indivíduos das localidades estudadas foram: 0,005 a 0,026 entre os de Bragança e Aracajú, 0,005 a 0,026 entre os de Bragança e Vitória e 0,005 a 0,015 entre os de Vitória e Aracajú. As divergências intrapopulacionais foram na mesma amplitude das interpopulacionais: de 0 a 0,010 entre indivíduos de Vitória; de 0 a 0,015 entre os de Aracajú; e de 0 a 0,026 entre os de Bragança. Os arranjos das árvores de agrupamento de vizinhos e de máxima parcimônia mostraram que todas as amostras (Sergipe, Espírito Santo e Pará) pertencem a um único grande grupo, não havendo distinções filogeográficas entre as localidades.

6- CONCLUSÃO

As análises preliminares mostraram que o gene da COI é informativo para caracterizar as populações e os dados indicam que há homogeneidade entre as populações de Vitória, Aracaju e Bragança. Um maior tamanho amostral permitirá que sejam realizadas análises mais acuradas (AMOVA).

7-REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS:

- ANDREU, B. (1976a). El cultivo del mejillón en Europa.I. Metodos y tecnicas utilizadas. *Anais da Academia Brasileira de Ciências*. São Paulo, 47(supl.): 11-22.
- ANDREU, B. (1976b). El cultivo del mejillón en Europa.II-Aspectos biológicos y ecológicos; enemigos y parásitos. *Anais da academia Brasileira de Ciências*. 47(supl.):23-36.
- BOFFI, A.V. (1979). **Moluscos de brasileiros de interesse médico e econômico**. São Paulo. HCITEC.182p.
- FOLMER, O.; BLACK, M.; HOEH, W.; LUTZ, R. & VRIJENHOEK, R. (1994). DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*. 3(5): 294-299.
- LARRALDE, J.; RODRIGUES, C. & BELLO, L. (1965). Acerca de los coeficientes de transformación e índice de utilización proteica del *Mytilus edulis*. *An. Bromatol.* 17(2): 238-247.
- MARQUES, H. L. A.; PEREIRA, R. T. L. & CORRÊA, B. C. (1991). Crescimento de mexilhões *Perna perna* (Linnaeus, 1758) em populações naturais no litoral de Ubatuba (SP), Brasil. *Boletim do Instituto de Pesca, São Paulo* 18: 61-72.
- NARCHI, W. & GALVÃO-BUENO, M. S. (1983). Anatomia funcional de *Mytella charruana* (D'Orbigny, 1846) (Bivalvia: *Mytilidae*). *Boletim de Zoologia da Universidade de São Paulo* 6: 113-145.
- OLIVEIRA, J. A. (1982). **Mexilhão**. Rio de Janeiro. Instituto de Pesquisas Tecnológicas de Pesca do Rio de Janeiro. 22p.
- PEREIRA-BARROS, J. B. (1987). Ecologia do sururu *Mytella falcata* (Mollusca, Mytilidae) da Lagoa de Mundaú (Maceió – AL). *Boletim de Estudos de Ciências do Mar* 6: 84-86.
- RENARD, E; BACHMANN, V; CARIOU, M. L. & MORETEAU, J. C. (2000) Morphological and molecular differentiation of invasive freshwater species of the genus *Corbicula* (Bivalvia, Corbiculidea) suggest the presence of three taxa in French rivers. *Molecular Ecology* 9 (12): 2009-2016.
- THOMPSON, J.D.; GIBSON, T. J.; PLEWNIAK, F.; JEANMOUGI, F. & HIGGINS, D.G. 1997 The Clustal X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. *Nucleic Acids Research*, 24: 4876-4882.