



VARIABILIDADE GENÉTICA DO PEIXE-CACHORRO *Acestrorhynchus lacustris* DO RIO GURUPI, MARANHÃO, BRASIL.

William Rodrigues de Lima-Universidade Federal do Maranhão, Departamento de Biologia, São Luís, MA. williambiologia@hotmail.com Luis Fernando Carvalho-Costa-Universidade Federal do Maranhão, Departamento de Biologia, São Luís, MA. ;

Jorge L. Silva-Nunes-Universidade Federal do Maranhão, Centro de Ciências Agrárias e Ambientais, Chapadinha, MA. Nivaldo M. Piorski- Universidade Federal do Maranhão, Departamento de Biologia, São Luís, MA. Ligia Tchaicka-Universidade Estadual do Maranhão, Departamento de Química e Biologia, São Luís, MA.

INTRODUÇÃO

A ictiofauna maranhense pertencente à Amazônia Oriental Brasileira possui 109 espécies de 33 famílias, sendo o rio Mearim o mais representativo com 59 espécies da classe Osteichthyes (peixes ósseos), onde as ordens Siluriformes e Characiformes correspondem a 25 e 16 espécies, respectivamente (Castro & Dourado, 2011). Entre os rios desta região podemos citar o Gurupi, onde se inicia a malha hidrográfica do Maranhão, que após cumprir um percurso de 400 Km, desde a junção com o rio Itingá, constitui os limites do Estado com o Pará e deságua no oceano atlântico (Castro & Dourado, 2011). A riqueza de sua ictiofauna pode ser expressa pela quantidade de famílias pertencentes à ordem Characiformes (Castro & Dourado, 2011), dentre elas, a família Acestrorhynchidae, atualmente, composta por apenas um único gênero, *Acestrorhynchus* (Britski, 2007), com 14 espécies de ampla distribuição na América do Sul, principalmente na região amazônica, Orinoco e Guianas (Toledo-Piza & Menezes, 1996). Espécies deste gênero, como *A. lacustris*, são ativos predadores aquáticos que desempenham um importante papel ecológico nesses ecossistemas (regulação top-down). A diversidade genética é fundamental para existência de uma espécie no tempo e espaço, uma vez que a seleção natural atua sobre esta matéria prima, aumentando a frequência de alelos, que em uma determinada situação podem aumentar a aptidão (Stearns, 2003). A baixa variabilidade genética torna os indivíduos susceptíveis à extinção pela ineficiência em responder às pressões seletivas que promovem a adaptação (Stearns, 2003; Frankham *et al.*, 2008). Dessa forma, o presente trabalho teve como objetivo inferir sobre a variabilidade genética de *A. lacustris*, uma espécie com relevante importância ecológica para o rio Gurupi no Estado do Maranhão.

OBJETIVOS

Avaliar os níveis de diversidade genética de uma população de *Acestrorhynchus lacustris* do rio Gurupi por meio do DNA mitocondrial.

MATERIAL E MÉTODOS

As amostras de tecido de nadadeira caudal foram coletadas na cidade de Centro Novo (MA). As amplificações do gene ATPase8 do DNA mitocondrial ocorreram por PCR (Reação em Cadeia da Polimerase). Os fragmentos foram sequenciados na Universidade Estadual do Maranhão (CESC-Caxias) pelo método enzimático de terminação de cadeia em sequenciador ABI 3500. A edição, alinhamento e caracterização do polimorfismo das sequências foram realizados nos programas BioEdit, ClustalW e DNAsp. A quantificação da variação genética resumiu-se na identificação dos haplótipos, diversidade haplotípica (Hd) e nucleotídica (Pi) e número médio de diferenças

nucleotídicas (K). Os testes de neutralidade seletiva foram conduzidos através dos testes de Tajima's D, D*(Fu & Li, 1993) e F* (Fu & Li, 1993).

RESULTADOS

Foram amostrados 28 espécimes de *Acestrorhynchus lacustris* do rio Gurupi. Obtivemos um total 664 pares de base (pb) do gene ATPase8 de *A lacustris*, evidenciando 3 haplótipos com 2 sítios variáveis (Hd=0,5317, Pi=0,00089 e K =0,5873). Os testes de neutralidade (Tajima's D: 0,29861; Fu e Li's D: 0,81535; Fu e Li's F: 0,77351) apresentaram-se não significativos para ação da seleção natural sobre esse polimorfismo.

DISCUSSÃO

Almeida (2012) realizou um trabalho de diversidade genética em *Arapaima gigas* (Pirarucu), também utilizando o gene ATPase6/8, onde a diversidade haplotípica foi de 0,5283, um valor considerado pela autora como relativamente baixo. Nosso valor para esse índice é muito próximo do calculado por esta. Com a mesma finalidade, Habib *et al.* (2012) considerou elevados os seus índices de diversidade genética, sendo 0,876 para Hd. Logo, para o presente trabalho, os índices de diversidade genética podem ser considerados baixos, lembrando que muitos trabalhos utilizam o gene ATPase6/8, mesmo este não sendo o gene mais polimórfico do DNA mitocondrial, por ser codificador de proteínas, não sendo incomum essa baixa variação (Pretti, *et al.*, 2009; Almeida 2012; Habib *et al.*, 2012). É importante saber se essa baixa diversidade apresenta-se contínua em qualquer área de sua distribuição, uma vez que ela pode estar sendo influenciada pela superexploração desta espécie naquela localidade (Stearns, 2003; Almeida, 2012). Estudos sobre a diversidade genética de estoques pesqueiros são importantes do ponto de vista do manejo e conservação, pois ela é a matéria prima da seleção natural para produzir novas adaptações às mudanças ambientais, e permitir a persistência da espécie (Frankham *et al.*, 2008).

CONCLUSÃO

No presente trabalho, observamos baixos valores de diversidade genética para a população de *A. lacustris* do rio Gurupi. Estas informações, agregadas àquelas de futuros estudos com marcadores mais polimórficos e com uma amostragem mais ampla ao longo rio Gurupi, representam subsídios importantes orientar medidas conservacionistas para este recurso biológico.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Almeida, I. G. (2012) Prospecção de marcadores moleculares sexo-específicos e análise de estrutura populacional de pirarucu (*Arapaima gigas*) na região de Santarém, Pará. Dissertação de mestrado. Universidade de Brasília – Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária.

Castro, A. C. L.; Dourado, E. C. S. Ictiofauna da Amazônia Oriental Brasileira–Um panorama das regiões maranhenses. Amazônia maranhense diversidade e conservação (Martins, M. B. & Oliveira, T. G. Eds.) Emilio Goeldi, 2011 p.196-201

Frankham, R., J. D. Ballou, and Briscoe, D. A. 2008. Fundamentos de Genética da Conservação. Editora SBG, Ribeirão Preto, SP, Brasil

Habib, M.; Lakra, W. S.; Mohindra, V.; Lal, K. K.; Punia, P.; Singh, R. K.; Khan, A. A. Assessment of ATPase 8 and ATPase 6 mtDNA Sequences in Genetic Diversity Studies of *Channa marulius* (Channidae: Perciformes). Natl. Acad. Sci. 61:12, 2012.

Pimm, S.L.; Gilpin, M.E., 1989. Theoretical issues in conservation biology. Em: Perspectives in Ecological Theory, (Roughgarden RM, Levin SA Eds.). Princeton University, Princeton, 1989, p. 287-305.

Pretti, V. Q.; Calcagnotto, D.; Toledo-piza, M.; Almeida-toledo, L. F. Phylogeny of the Neotropical genus *Acestrorhynchus* (Ostariophysi: Characiformes) based on nuclear and mitochondrial gene sequences and morphology: A total evidence approach. *Molecular. Phylogenetics and Evolution*, v.52, p. 312–320, 2009.

Stearns, S. C.; Hoekstra, R. F. 2003. *Evolução: Uma Introdução*. Editora Atheneu, São Paulo, SP, Brasil.

Toledo-Piza, M., Menezes, N. A. Taxonomic redefinition of the species of *Acestrorhynchus* of the *microlepis* group with the description of *Acestrorhynchus apurensis*, a new species from Venezuela (Ostariophysi: Characiformes:Characidae). *Am. Mus. Novitates* 3160:1-23, 1996.

Agradecimento

CNPQ, UFMA, FAPEMA, SISBIOTA, FAPESP