

GEN-09

UTILIZAÇÃO DE MARCADORES MOLECULARES MITOCONDRIAIS NA CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DA DOURADA - *BRACHYPLATYSTOMA ROUSSEAUXII* (PIMELODIDAE-SILURIFORMES) NA AMAZÔNIA BRASILEIRA

Bertucchi-Vogt, N.A.¹, ²Formiga-Aquino K. ; Batista, J.S.³

¹ Bolsista/PIBIC/CNPq; ² Orientadora/INPA; ³ Co-orientador/INPA.

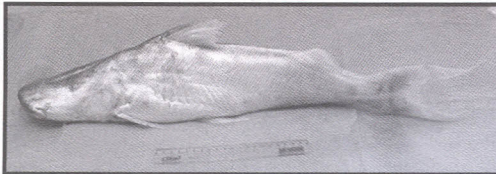


Figura 01 - Dourada - *Brachyplatystoma rousseauxii* (cortesia de Batista).

A pesca na Amazônia é uma atividade extrativista de destaque, tanto a comercial, praticada por pescadores profissionais, quanto a de subsistência, praticadas pelas comunidades interioranas (Rezende,1998). A dourada, *Brachyplatystoma rousseauxii* (figura 01), pertence à Ordem

Siluriformes, família Pimelodidae. É um dos mais importantes recursos pesqueiros no nível comercial para a bacia Amazônica. Alguns dos aspectos biológicos e ecológicos estudados até o momento, indicam que esta espécie realiza grandes migrações para completar seu ciclo de vida, abrangendo uma área muito extensa, envolvendo mais de cinco países entre os quais: a Equador, Colômbia, Peru , Bolívia, Brasil e outros, dentre os quais o Brasil é o que mais explora comercialmente esta espécie (Barthem & Goulding, 1997). Diante do exposto, este estudo propôs caracterizar e estimar a variabilidade genética, por meio de seqüências nucleotídicas da região controle e da ATPase do DNA mitocondrial da dourada, oriundas do Estuário Amazônico e dos rios: Madeira, Japurá e Juruá a fim de verificar se existe um estoque genético pesqueiro. O tecido muscular de indivíduos de *B. rousseauxii* ($N=66$), foram coletados junto à frota artesanal em desembarque pesqueiro em função da rota migratória proposta por Barthem & Goulding (1997), nas localidades analisadas, armazenados em álcool 70%. A extração de DNA total, amplificação, purificação e sequenciamento nucleotídico das amostras coletadas foram realizados segundo protocolo descrito em Alves-Gomes *et al.*, (1995) e Batista (2001). As etapas de edição, conferência e compilação das seqüências nucleotídicas foram realizadas com o auxílio dos programas Bioedit 7.50 (Hall, 1999) e os índices estimadores de variabilidade genética (HD , Pi , IVG , S , ETA , H , K) com os programas Arlequin 3.0 (Schneider *et al.*, 2005) e DNAsp 4.2 (Rozas&Rozas, 1999). As tabelas 01 e 02 mostram os índices de polimorfismo de DNA estimados na análise dos fragmentos: região controle e ATPase para cada localidade analisada. A distância genética apresentou variação entre 0 e 1,47% para as seqüências obtidas com o fragmento da ATPase, o qual esteve menor comparada com os indivíduos seqüenciados com a região controle ($D-loop$) que variou de 0 e

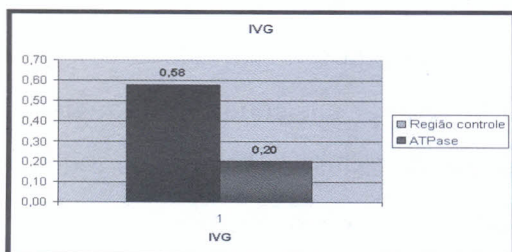
2,31%. Para o fragmento da região controle os indivíduos do rio Juruá estiveram, significativamente maior do que os indivíduos das demais localidades, este resultado pode estar sendo afetado ao tamanho amostral reduzido. Para o fragmento da ATPase os indivíduos do Estuário Amazônico estiveram relativamente maior aos indivíduos do rio Madeira, corroborando com Batista (2001) de que ocorre um decréscimo da variabilidade genética no sentido Estuário – Amazonas - Solimões, podendo estes indivíduos congregarem um único estoque genético.

Tabela 01- Valores dos índices de polimorfismo de DNA dos 89 espécimens de *B. rousseauxii* classificados nos períodos de safra e entressafra do rio Madeira e estuário Amazônico com o fragmento da região controle (*D-LOOP*)

Localidade	N	H	HU	S	ETA	HD	IC	PI	IC	K	IC
Rio Madeira	20	15	11	36	37	0,968 ± 0,025	0,012	0,009 ± 0,004	0,002	8,415 ± 4,065	1,932
Estuário	20	17	15	36	37	0,978 ± 0,024	0,008	0,009 ± 0,005	0,002	8,647 ± 4,169	1,444
Rio Japurá	19	14	11	29	30	0,953 ± 0,035	0,008	0,009 ± 0,004	0,001	8,216 ± 3,986	0,961
Rio Juruá	7	7	7	19	19	1,00 ± 0,076	0,026	0,011 ± 0,006	0,003	10,047 ± 5,236	2,354
Todos	89	44	37	64	66	0,973 ± 0,009	0,002	0,009 ± 0,005	0,004	8,591 ± 4,021	2,978

Tabela 02 -Valores dos índices de polimorfismo de DNA dos 49 espécimens de *B. rousseauxii* classificados nos períodos de safra e entressafra do rio Madeira e estuário Amazônico com o fragmento da ATPase.

Localidade	N	H	HU	S	ETA	HD	IC	PI	IC	K	IC
Rio Madeira	17	5	8	13	13	0,640 ± 0,116	0,055	0,002 ± 0,002	0,001	1,897 ± 1,138	0,010
Estuário	32	10	2	27	27	0,6351 ± 0,092	0,032	0,003 ± 0,002	0,001	2,115 ± 1,210	0,001
Todos	49	13	10	39	39	0,630 ± 0,074	0,018	0,003 ± 0,002	0,000	2,039 ± 1,165	0,000



A Análise de Variância Molecular (AMOVA) demonstra que essa análise não foi significativa para nenhum dos fragmentos analisados, região controle, (*Fst* 0,00077, *p* >0.4) ATPase, (*Fst* - 0,02814, *p* > 0.2), indicando, que não houve uma estruturação

genética, desta forma estes indivíduos podem vir a fazer parte de um mesmo estoque genético. O Índice de Variabilidade Genética (IVG) fg 02 esteve maior para os indivíduos seqüenciados com o fragmento da região controle (0,68). Estes resultados são cruciais não só para subsidiar planos de manejo como também subsidiar projetos que visam à construção de hidrelétricas no rio Madeira e em outros afluentes do rio Amazonas/Solimões, ação esta que pode ameaçar o ciclo de vida da dourada na Amazônia.

Barthem, R.; Goulding, M. 1997. *Os bagres balizadores: Ecologia, Migração e Conservação de peixes amazônicos*. Sociedade Civil Mamirauá; CNPq, Brasília. 140p.

Batista, J. S. 2001. *Estimativa da Variabilidade intraespecifica da dourada B. flavicans (Castelnaud, 1855) no eixo estuário, Amazonas-Solimões*. 116p. Dissertação (Mestrado) — Programa de Pós-Graduação em Biologia de Água Doce e Pesca Interior, BTRN/INPNIJA, Manaus, Amazonas, 2001.

Hall, T.A., 1999; BioEdit: a user friendly biological sequence alignment editor and analysis program for windows 95/98/NT. Nucleic Acids Symposium Series 41:95-98.

Rozas, J. and Rozas, R. 1999. DnaSP version 4.0: an integrated program for molecular population genetics and molecular evolution analysis. Bioinformatics 15: 174-175.