

## VER-13

**FILOGEOGRAFIA DE *Hypopygus lepturus* (Rhamphichthyidae: Gymnotiformes): TESTANDO A HIPÓTESE DO RIO NEGRO COMO BARREIRA DE DISPERSÃO.**

Fábio Raphael Moreira Cáuper <sup>(1)</sup>; Jacqueline da Silva Batista <sup>(2)</sup>; Kyara Formiga-Aquino <sup>(3)</sup> José Antônio Alves-Gomes <sup>(4)</sup>  
 Bolsista CNPq/PIBIC <sup>(1)</sup>; Bolsista DTI/CNPq <sup>(2)</sup>; Bolsista Mestrado/CNPq <sup>(3)</sup>; Pesquisador INPA/CPBA <sup>(2)</sup>

*Hypopygus lepturus* é um representante da ordem Gymnotiformes que ocorre em toda bacia Amazônica (Mago-leccia 1994). A espécie alcança maturidade sexual quando atinge por volta de 8cm de comprimento e vivem preferencialmente no meio de raízes da vegetação em pequenos rios, igarapés e não é coletado em águas abertas. Com isso supõe-se que grandes volumes de água corrente, como os principais rios da Amazônia, atuam como barreira efetiva para a dispersão desta espécie.

O DNA (ácido desoxirribonucléico) é a molécula da hereditariedade em todos os organismos. (Lehninger, 1995). Características peculiares, como a herança uniparental, geralmente materna, ausências de recombinações e altas taxas evolutivas, quando comparado ao genoma nuclear, fazem o DNA mitocondrial (mtDNA) uma ferramenta importante nas relações evolutivas entre indivíduos, espécies e populações. A utilização de seqüências da região controle do mtDNA, pode auxiliar de uma maneira fundamental a estimativa da variabilidade genética e o fluxo gênico entre os indivíduos nos diferentes igarapés encontrados ao longo do médio Rio Negro.

Este estudo objetivou estimar a variabilidade genética entre indivíduos de *Hypopygus lepturus*, coletados em igarapés das margens direita e esquerda do médio Rio Negro, no intuito de verificar se existe fluxo gênico entre indivíduos dos diferentes igarapés.

A coleta dos espécimes foi realizada, nos anos de 2000 e 2001, na região do médio e alto Rio Negro, onde entre cinco e seis indivíduos de quatro localidades, sendo duas da margem direita e duas da margem esquerda, foram coletados e preservados em álcool 70%. Os locais de coletas foram georeferenciados. Para a extração de DNA foram utilizadas técnicas padronizadas e descritas em Alves-Gomes *et al*, 1995. Após a extração o DNA foi amplificado através da tecnologia de Reação Polimerase em Cadeia (PCR – Polymerase Chain Reactio), utilizando os seguintes “primers” correspondentes a um fragmento de aproximadamente 450 pares de bases da Região Controle (D-loop) do DNA Mitocondrial:

⊕ F-TTF - 5'- GCC TAA GAG CAT CGG TCT TGT AA – 3' (Sivasundar *et al*, 2001)

‡ 16498-H – 5′- CCT GAA GTA GGA ACC AGA TG – 3′ (Meyer *et al* 1990)

Em seguida o produto da PCR, diluídos em TE (Tris EDTA), foi submetido à reação de seqüenciamento, seguida de precipitação, utilizando-se kits de seqüenciamento Amersham Biosciences, seguindo-se seus protocolos para realização da técnica.

As amostras foram seqüenciadas através de eletroinjeção no seqüenciador automático, MegaBACE 1000 da A. Biosciences, no laboratório de Biologia Molecular do INPA, através do qual foram obtidas as seqüências dos indivíduos tornando-se disponíveis para edição e alinhamento através do programa Sequence Navigator.

No presente momento, as seqüências geradas estão sendo editadas e alinhadas, sendo em seguida exportadas para o programa PAUP\* 4.0 para Macintosh (Swofford, 1999).

Análise de Máxima Parcimônia, distância gênica e Cladogramas de “Network” serão gerados e os resultados finais serão apresentados no relatório final.

ALVES-GOMES, J. A.; ORTI, G.; HAYGOOD, M.; HEILIGENBERG, W. AND MEYER, A. (1995). Phylogenetic analysis of the south American electric fishes (order Gymnotiformes) and the evolution of their electrogenic system: a synthesis based on morphology, electrophysiology, and mitochondrial sequence data. **Molecular Biology And Evolution**, 12(2): 289-318.

LEHNINGER, A. L. Nelson D.L., Cox, M.M. 1995. **Princípios de bioquímica**. 2ª edição. Editora Sarvier, São Paulo. 839 p.

MAGO-LECCIA, F. (1994). **Electric fishes of the continental waters of America**. Vol. XXIX. Biblioteca de la Academia de Ciencias Fisicas, Caracas: Clemente editores, C. A.

MAYR, E. 1977. **Populações, Espécies e Evolução**. Ed. Nacional Universidade de São Paulo, 7: 87-111.

MEYER, A. 1993. Evolution of Mitochondrial DNA in Fishes. **Biochemistry and molecular biology of fishes**. (2):1-38

MEYER, A. T. D; Koecher, P; Basasibwaki and Wilson, A. C. 1990. **Monophyletic origin of Victoria cichid fishes suggested by mitochondrial DNA sequences**. *Nature* **347:550-553**.

SWOFFORD, D. L. 1999. **PAUP: Phylogenetic Analysis Using Parsimony, Version 4.0**. Sinauer Associates, Sunderland.