



**Programa de Pós-Graduação em Genética e
Melhoramento
FIT 798 – Seminários em Genética e
Melhoramento**

Filogeografia Citogenética e Molecular em Populações de *Hoplias malabaricus* (Erythrinidae) nas Bacias Hidrográficas da América do Sul

Prelecionista: Udson Santos

Orientador: Jorge Abdala Dergam

Os peixes estão restritos ao ambiente aquático, sendo considerados excelentes modelos para estudos paleohidrológicos. Dessa forma, os padrões de distribuição de táxons monofiléticos podem ser usados para gerar hipóteses de história comum entre diferentes bacias hidrográficas. Os estudos iniciais dos padrões de distribuição da ictiofauna na América do Sul foram realizados por Eigenmann (1909) e utilizavam caracteres morfológicos. Recentemente, o uso de ferramentas moleculares permitiu um melhor acesso às relações filogenéticas e filogeográficas em peixes (eg. Hubert et al., 2007; Willis et al., 2010). Paralelamente, o uso de marcadores citogenéticos a partir da década de 1970 tornou possível reconhecer a diversidade citogenética nas populações naturais de peixes, criando a oportunidade de estabelecer padrões de evolução cromossômica da ictiofauna neotropical (Bertollo et al., 2000; Jacobina et al., 2009). Por exemplo, Bertollo et al. (2000) reconhecem 7 diferentes cariótipos (cariomorfos) para as traíras *Hoplias malabaricus* (Bloch 1794), com ausência de diferenciação fenética entre as populações com distintos cariomorfos. Nesse contexto, a utilização de informações morfológicas, citogenéticas, moleculares, paleohidrográficas e da atual distribuição das populações de peixes permite criar robustas hipóteses filogeográficas (e. g. Santos et al., 2009), gerando informações sobre os processos que contribuíram à elevada riqueza de espécies de peixes na América do Sul. O objetivo desse trabalho é estabelecer os padrões de distribuição filogeográfica das populações de *H. malabaricus* de 22 bacias hidrográficas da América do Sul. Nessas bacias, foram amostradas 60 diferentes localidades, permitindo coletar 494 espécimes. A metodologia de obtenção de cromossômicos metafásicos utilizada foi descrita por Bertollo et al., (1978). A metodologia de análise das relações filogenéticas esta sendo realizada a partir do sequenciamento do fragmento mitocondrial ATPase 6 e nuclear RAG2. O alinhamento das sequências esta sendo realizado em software MEGA5 (Tamura et al., 2011). A construção das hipóteses filogenéticas esta sendo realizado utilizando o critério da parcimônia em PAUP (Swofford 2003) e inferência Bayesiana em software BEAST (Drummond & Rambaut 2007). As hipóteses filogeográficas serão geradas nos softwares Structure 2.3.X.,

Network 4.6.1.0 (Foster et al., 2000) e Geneland 4.0.0.. As topologias geradas serão discutidas no contexto da história geomorfológica, paleohidrológica e da distribuição biogeográfica de outras espécies de peixes. Os resultados iniciais permitiram reconhecer o cariótipo de 149 espécimes. Trezentos e nove espécimes tiveram o fragmento ATPase 6 (600 pb) sequenciados e 35 espécimes o fragmento RAG2 (1240 pb). A topologia inicial gerada com o gene ATPase 6, pelo método da parcimônia e inferência Bayesiana, permite reconhecer que as populações de traíras com o cariomorfo 40C (40 cromossomos forma C) não são um grupo monofilético. Algumas populações com cariomórfo 40C são mais relacionadas filogeneticamente com populações de traíras 40F (40 cromossomos morfologia F) e com populações de cariomórfo 42A (42 cromossomos morfologia A), formando o haplogrupo I. As demais populações de traíras 40C estão estreitamente relacionadas às traíras com cariomorfo 40D (40 cromossomos morfologia D), formando o haplogrupo II. As populações com 40 cromossomos que formam o haplogrupo I são encontradas na bacia Amazônica, no rio São Francisco e em bacias costeiras acima do Recife de Abrolhos. Estas bacias hidrográficas possuem história paleohidrológica recente (Lundberg, 1998) com alta similaridade de fauna (Eigenmann 1919). As traíras do haplogrupo II foram coletadas em afluentes dos rios Paraguai e Paraná, dois importantes tributários do Rio da Prata. Estes resultados sugerem que os processos de diferenciação dos cariomorfos 40F e 4D foi posterior ao evento de separação das bacias Amazônicas e Paraguai. A ampla distribuição do cariomórfo 40C sugere que este seja o cariomorfo com 40 cromossomos pleisomórfico. Seis haplogrupos foram gerados com o gene ATPase 6 para as traíras com 42 cromossomos. O cariomorfo 42A (42 cromossomos morfologia A) possui ampla distribuição nas bacias hidrográficas da América do Sul, sendo o cariomorfo 42B (42 cromossomos morfologia B) restrito à bacia do rio Doce. Três haplogrupos gerados correspondem a três regiões de endemismo de fauna e com independentes histórias paleohidrológicas na costa do Brasil. Os outros três haplogrupos estão distribuídos nas cabeceiras do rio Amazonas (divisor de águas com o rio Paraguai), no rio Paraguai e em afluentes do rio Aguapey (Argentina). A ampla distribuição do cariomorfo 42A e a posição relativa nas topologias geradas sugere que este cariomórfo é pleisomórfico aos demais, conforme sugerido por Santos et al. (2009) e Pereira et al. (no prelo).

Jorge Abdala Dergam

(orientador)

Udson Santos

(estudante)