



|                   |  |
|-------------------|--|
| <b>Evento</b>     | Salão UFRGS 2013: SIC - XXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS                   |
| <b>Ano</b>        | 2013   |
| <b>Local</b>      | Porto Alegre - RS  |
| <b>Título</b>     | Teste do DNA barcode na separação de espécies de ciclídeos na bacia do rio Tramandaí |
| <b>Autor</b>      | CRISTINA BRIZZI ZWANZIGER  |
| <b>Orientador</b> | LUIZ ROBERTO MALABARBA   |

A família Cichlidae é a mais rica da ordem Labriformes, com cerca de 1.300 espécies, sendo 230 descritas só nos últimos 10 anos. Na bacia do rio Tramandaí a família é representada por 9 espécies que habitam uma ampla variedade de ambientes. Do genoma mitocondrial foi proposta a utilização de um marcador universal para a maioria das espécies, consistindo em aproximadamente 650 pares de base a partir da extremidade 5' do gene citocromo C oxidase da subunidade I (COI) - batizado de “código de barras de DNA”. O DNA *barcode* já revelou espécies crípticas que não teriam sido identificadas usando técnicas de identificação tradicionais, mostrando que pode suportar a separação de espécies estreitamente relacionadas e permitir a identificação de novas espécies morfologicamente iguais. Espécies representam diferentes linhagens genéticas, e os táxons atuais podem mascarar populações isoladas com divergência genética em nível de espécie. Quando se trata de peixes, a identificação errônea ou imprecisa de espécies é um problema significativo para a gestão de pesca. A tarefa de catalogar grupos taxonômicos é de grande urgência, como medidas para contrabalançar as taxas de homogeneização genética que atualmente são em grande parte de origem antropogênica. Isto é particularmente importante em ambientes como os ecossistemas de água doce neotropicais, que são fortemente exploradas por atividades humanas através do consumo de água, irrigação, barragens hidrelétricas, esgoto e efluentes industriais. O objetivo deste trabalho é sequenciar o gene COI de todas as espécies de Cichlidae da bacia do rio Tramandaí e testar se o sequenciamento do gene mitocondrial COI é válido para a separação de espécies ou para identificar espécies crípticas. A área de estudo consiste na bacia do rio Tramandaí, localizado no nordeste do Estado do Rio Grande do Sul. O material analisado está catalogado na coleção de tecidos do Laboratório de Ictiologia do Departamento de Zoologia, Instituto de Biociências da UFRGS. O DNA de 15 espécimes de ciclídeos (totalizando 6 espécies) foi extraído e amplificado através da técnica de PCR (*Polimerase Chain Reaction*) com os “*primers*” e protocolos específicos. Os produtos resultantes da amplificação foram verificados através de eletroforese horizontal em gel de agarose 1%. O sequenciamento dos fragmentos de DNA foram realizados pela empresa Macrogen (Seul - Coréia do Sul). As sequências foram alinhadas com o auxílio do programa BioEdit. A distancia Kimura 2 parâmetros (K2P) foi empregada para a comparação entre as sequencias. Os padrões de divergência sugeridos por esta distância foram graficamente representados em uma árvore filogenética utilizando o método de *neighbour-joining* (NJ) com 1000 replicações de *bootstrap* no programa MEGA v5.0. Segundo a literatura, a filogenia da família Cichlidae é razoavelmente bem definida morfologicamente e geneticamente. Os resultados preliminares deste estudo mostraram que o método DNA *barcode* é uma ferramenta eficiente para a separação de espécies, visto que as mesmas ficaram agrupadas em grupos monofiléticos isto é, ocorreu a separação das espécies sequenciadas, e o cladograma gerado mostrou as relações de parentesco entre as espécies condizentes ao que consta na literatura sobre ciclídeos. Entretanto, o número amostral utilizado foi muito baixo para conclusões mais significativas, como a identificação de espécies crípticas. O referente estudo terá continuidade e novas espécies e novos exemplares serão sequenciados para um maior embasamento deste estudo.