

VARIABILIDADE GENÉTICA DE CINCO LOCOS DE MICROSSATÉLITES DE UMA POPULAÇÃO SELVAGEM DE ROBALOS-PEVA

Cleiton Semann¹, Marcos Edgar Herkenhoff², Carlos André da Veiga Lima Rosa³

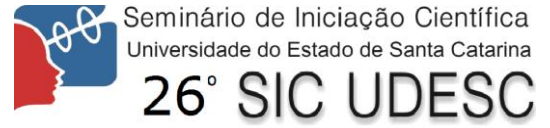
¹ Acadêmico do Curso de Engenharia de Pesca, CERES - bolsista PROBIC/UDESC

² Acadêmico do Curso de Mestrado em Ciência Animal, CAV

³ Orientador, Departamento de Engenharia de Pesca, CERES – carlos.lima@udesc.br.

Palavras-chave: Robalo-peva. *Centropomus parallelus*. microssatélites.

Os microssatélites são repetições em tandem de nucleotídeos localizados em partes não codificantes de regiões codificantes dos genomas, como íntrons e DNA intergênico, o que os torna muito eficientes para determinar a variabilidade genética, uma vez que os seus polimorfismos não afetam a expressão dos fenótipos e, assim, não sofrem a ação da seleção natural. Os peixes conhecidos como robalos (*Centropomus sp.*) tem uma ampla distribuição geográfica, habitam as águas costeiras rasas e dos estuários do Sul da Flórida até a costa brasileira (regiões tropical e subtropical), ocorrendo ao longo de quase toda a costa brasileira. Eles são conhecidos como "Camorin" no Norte e Nordeste do Brasil e como "robalo" no Sudeste e Sul do Brasil. Estes peixes são altamente apreciados pela sua excelente qualidade de carne, chegando a um elevado preço no mercado. Sendo um dos mais apreciados robalos, o robalo-peva (*Centropomus parallelus*). No Brasil e nos Estados Unidos, tornou-se necessária a implementação de medidas que controlem a pesca dos robalos-peva, tendo em vista que a exploração deste recurso é grande, e necessita-se proteger seus estoques. Uma das medidas mais eficientes para a sobrevivência das espécies é a manutenção da variabilidade genética, sendo os microssatélites uma excelente ferramenta para determinar este parâmetro. Este estudo tem por objetivo investigar a variabilidade genética de populações de robalos-peva selvagens utilizando microssatélites. No momento, nós coletadas e analisadas amostras de sangue e tecido de 20 indivíduos selvagens, proveniente do município de Penha, SC. Para a análise utilizamos 5 locos de microssatélites: Cun 01, Cun 05B, Cun 08, Cun 09 e Cun 10A. Os fragmentos foram amplificados utilizando a reação em cadeia da polimerase (PCR) e foram analisados em gel de poliacrilamida (5%), corados com nitrato de prata. Nós detectamos 20 alelos (101-165 pb) no loco Cun 01, 8 alelos (147-168 pb) no loco Cun 05B, 24 alelos (127-213 pb) no loco Cun 08, 14 alelos (203-243 pb) no loco Cun 09 e 11 alelos (143-181 pb) no loco Cun 10A. Treze alelos do loco Cun 01, 10 do Cun 09 e 11 do Cun 10A ainda não haviam sido descritos. Todos alelos encontrados para os locos Cun 05B e Cun 08 também ainda não haviam sido descritos, porque estudos anteriores não conseguiram amplificar, ou os fragmentos amplificados não apresentaram resolução suficiente para poderem ser descritos. Os resultados encontrados para o número de alelos obtidos por loco estão de acordo com os números mínimos de alelos sugeridos por Barker (1994), que devem ser mais do que quatro. Estes resultados também demonstraram que o Cun 05B e o Cun 08, ao contrário do afirmado em estudos anteriores, são capazes de serem usados em estudos populacionais de variabilidade genética nesta espécie. Os polimorfismos aqui detectados



para estes cinco locos possibilitam que os mesmos sejam utilizados em estudos de genética de população, de identificação de paternidade e de coeficiente de endogamia nesta espécie.