

CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

AVALIAÇÃO DA ESTRUTURA GENÉTICA DE PEIXES MIGRADORES NA ÁREA DE INFLUÊNCIA DA BARRAGEM DA ITAIPU BINACIONAL

Gómez, José Alejandro.

Estudante do Curso de ciências biológicas – ecologia e biodiversidade- ILACVN – UNILA;
E-mail: jose.gomez@aluno.unila.edu.br

Pereira, Luiz Henrique Garcia

Docente/pesquisador - ILACVN – UNILA.
E-mail: luiz.pereira@unila.edu.br

1 Introdução

A maneira de se estudar a biodiversidade é muito ampla. Ela pode ser entendida e estudada em termos de moléculas como diversidade genética, a qual é de grande importância dado que é a matéria-prima sobre a qual a seleção natural e outras forças evolutivas agirão nas populações e espécies. Além disso, representa o valor adaptativo para as mudanças ambientais, reprodução e sobrevivência. Assim, o monitoramento desta diversidade em populações naturais e/ou de interesse econômico é essencial, pois os efeitos antrópicos nas áreas de ocorrência destas, produzem modificações na paisagem e trazem consigo alterações nas dinâmicas naturais de fluxo gênico e consequente perda de diversidade genética, reduzindo o potencial evolutivo e adaptativo das espécies. Em particular, os ambientes aquáticos de água doce estão entre os que mais sofrem os efeitos anteriores, devido ao ritmo acelerado da exploração dos recursos pesqueiros, poluição e principalmente construção de barragens. Esta última, leva a fragmentação e alteração tanto da dinâmica quanto do curso natural dos rios, criando uma barreira para o fluxo gênico e a migração da ictiofauna. Estes efeitos são, principalmente, sentidos pelas espécies de peixes reófilas (migratórias) que, na época da reprodução percorrem grandes distâncias tanto para se dirigem às cabeceiras dos rios para desovar como para adquirir maturação gonadal durante o percurso. Assim, o presente trabalho teve como objetivo avaliar geneticamente a espécie migratória *Pseudoplatystoma corruscans* (pintado) tanto a jusante como a montante da barragem da ITAIPU binacional para verificar os índices de fluxo gênico e estruturação populacional da espécie, analisando assim, em última instância a eficiência do canal da piracema.

2 Metodologia

Para acessar à variabilidade e estrutura genética de *P. corruscans* foram analisadas duas populações a montante da barragem de Itaipu provenientes dos rios Parapanema e Ivinhema e uma população a jusante coletadas no canal de Piracema, mediante o sequenciamento da região controladora D-Loop do genoma mitocondrial. Para isso, foi extraído o DNA total com o kit comercial Wizar genomic DNA purification - Promega®. A região controladora D-Loop foi acessada e amplificada por PCR pelo emprego do primer D-Loop L-20 e submetida a reação de sequenciamento com o Kit BigDye v.3.1. As sequências foram lidas no sequenciador automático DNA ABI 3130-Genetic Analyzer (Applied Biosystems). As sequências obtidas, foram analisadas com o software Geneious 7 (Biomatters, Auckland, New Zealand) para a obtenção das sequências consenso, as quais foram alinhadas e submetidas ao software DnaSP (Rozas e Rozas, 1995) para as estimativas de variabilidade genética.

3 Fundamentação teórica

A região neotropical é conhecida pela sua imensa riqueza de fauna e flora, de modo que não é por acaso que ela abriga a ictiofauna mais rica de água doce do planeta, com aproximadamente 6000 espécies (Reis et al., 2003), das quais 3.322, são encontradas no Brasil segundo o *Fishbase* (Froese and Pauly, 2016). Embora seja evidente a importância de tal patrimônio biológico, a ictiofauna é uma das mais prejudicadas pelos efeitos antrópicos do homem, seja por conta da exploração sem limites dos recursos pesqueiros, poluição da água ou construção de barragens para fins energéticos (Agostinho et al, 2003). Esta última acarreta efeitos ambientais negativos, entre eles, a formação de reservatório, que transforma um ambiente de lótico em lêntico, e a formação de barreiras que impedem os deslocamentos naturais das espécies (Maitland et al., 1997). A criação da barragem e do reservatório influenciam no comportamento da ictiofauna, principalmente entre as espécies de peixes reófilas que se vem impossibilitadas de chegar às cabeceiras dos rios a montante para fins reprodutivos, alimentação, áreas para desova e criadouros (Agostinho et al, 2003). Deste modo, para mitigar estes efeitos foram implementados os sistemas de transposição, que auxiliam na passagem dos peixes, atraindo-os para um ponto específico para transpor um obstáculo ativa ou passivamente (Larinier, 2000). Contudo, é relatado a dificuldade por parte de espécies reófilas da ordem Siluriformes em atravessar tanto barreiras naturais como artificiais (Godinho et al., 1991), como observado para *P. corruscans* (Fernandez, 2000). Assim, se faz necessário testar e monitorar constantemente a eficiência dos canais de transposição da ictiofauna como mecanismo de manutenção do fluxo gênico e, por conseguinte, da diversidade genética. Dado que, a redução da diversidade genética, pode

reduzir o potencial de espécies e populações em sobreviver em um ambiente em constante mudança (Lande & Shanon, 1996), levando até mesmo a sua extinção, sua manutenção se torna fundamental para sua conservação e sobrevivência. Neste sentido, o DNA mitocondrial (mtDNA) se destaca como marcador molecular para o estudo da estrutura populacional e variação geográfica entre as populações, tendo fornecido perspectivas únicas sobre as causas da diferenciação tanto das populações como da sua diversidade genética (Awise, 200). As razões para trabalhar com o mtDNA derivam, em parte, de sua fácil manipulação, grande número de cópias, organização simples, herança maternal, ausência de recombinação e uma taxa rápida de divergência quando comparado ao DNA nuclear. A região controle do DNA mitocondrial, D-loop, se destaca pela sua elevada taxa de mutação, sendo dez vezes maior que as observadas em regiões codificantes desta organela (Wilson, 1985), sendo assim um marcador interessante para abordar o nosso objetivo de estudo.

4 Resultados

Até o momento, foram obtidas as amostras de 58 espécimes de *P. corruscans*, dos quais, para apenas 24 se obteve sequências de qualidade para prosseguir as análises. Destas amostras, 22 pertencem a populações a montante (18 do rio Paranapanema e quatro do rio Ivinhema) e duas a população a jusante da barragem de Itaipu (canal de piracema). Para os índices de diversidade genética foram observados 12 haplótipos (9 exclusivos para um único indivíduo e 3 compartilhados por mais de um) registrando uma diversidade haplotípica (h) de 0,8659 e diversidade nucleotídica (π) (Nei, 1987) de 0,00648. Para os testes de neutralidade seletiva D de Tajima (Tajima, 1989) foi achado um valor de -1,61917 com uma significância estatística (p) de 0.10 e para o F_s de Fu (Fu, 1997) um valor de -1,497 e p menor de 0,05.

5 Conclusões

Os valores em conjunto de h alta e π baixa são contrastantes e sugerem eventos recentes de redução e expansão populacional (Grant & Bowen 1998), como observado por Bignotto et al. (2009) para *P. corruscans*. Esses dados são respaldados, em parte, pelos testes de neutralidade de D Tajima e F_s de Fu, que testam o desvio da variabilidade sob condições de neutralidade e estabilidade demográfica. Embora o teste de D de Tajima não mostrou significância estatística, o teste de Fu (F_s), que é mais sensível para detectar desvios da neutralidade pelas mudanças demográficas, foi negativo com significância estatística, o que poderia ser resultado de um excesso de mutações recentes e pode ser indicativo de expansão populacional, seleção de fundo ou efeito carona (Fu, 1997; Ashfaq et al., 2014; Caifa, 2013). Contudo, dado a nossa

amostragem ser ainda significativamente pequena, o que limita as análises de neutralidade e distribuição *mismatch* para corroborar a hipótese anterior, ainda não se pode confirmar tais resultados. Assim, a próxima etapa do projeto prevê uma amostragem maior de populações e indivíduos por ponto, o que permitirá análises estatísticas mais refinadas e confiáveis para se ter estimativas melhores de diversidade e estruturação genéticas e do fluxo gênico.

6 Principais referências bibliográficas

AGOSTINHO, A. A. et al. Migratory fishes of the upper Paraná River basin, Brazil. Migratory fishes of South America: biology, fisheries and conservation status, p. 19, 2003.

BIGNOTTO, T. S. et al. Genetic divergence between *Pseudoplatystoma corruscans* and *Pseudoplatystoma reticulatum* (Siluriformes: Pimelodidae) in the parana river basin. Brazilian Journal of Biology, v. 69, n. 2, p. 681-689, 2009.

FREELAND, J.R.. PETERSEN, S.D. KIRK, H. Molecular Ecology. Wiley-Blackwell, 2015.

LANDE, Russell; SHANNON, Susan. The role of genetic variation in adaptation and population persistence in a changing environment. Evolution, v. 50, n. 1, p. 434-437, 1996

TEMPLETON, A. R. Genética de populações e teoria microevolutiva. Sociedade Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 2011.