

ANAIIS

EICTI 2017

6° Encontro de
Iniciação Científica

2° Encontro de Iniciação
ao Desenvolvimento
Tecnológico e Inovação

4 a 6 de outubro de 2017

Universidade Federal da Integração Latino-Americana (UNILA)
Av. Tarquínio Joslin dos Santos, nº 1000
Foz do Iguaçu, Paraná – Brasil



Realização:



Apoio:



ESTRUTURA GENÉTICA DO PINTADO (*PSEUDOPLATYSTOMA CORRUSCANS*) NA ÁREA DE INFLUÊNCIA DA BARRAGEM DA ITAIPU BINACIONAL

GÓMEZ, José Alejandro.

Estudante do Curso de ciências biológicas – ecologia e biodiversidade, Voluntario IC - ILACVN – UNILA;

E-mail: jose.gomez@aluno.unila.edu.br

PEREIRA, Luiz Henrique Garcia

Docente/pesquisador do curso de ciências biológicas – ecologia e biodiversidade- ILACVN – UNILA.

E-mail: luiz.garcia@unila.edu.br

1 INTRODUÇÃO

A fragmentação de habitats aquáticos, decorrente da construção de usinas hidroelétricas, é um dos fatores responsáveis pela queda na diversidade da ictiofauna, principalmente, no que refere a espécies migratórias de peixes, que tem suas rotas migratórias interrompidas, levando ao isolamento de populações previamente conectadas. Como consequências, surgem mudanças na diversidade e estruturação genética das populações, que comprometem o valor adaptativo das espécies envolvidas. Deste modo, a implementação dos sistemas de transposição para peixes (STP) surge como uma alternativa para mitigar estes efeitos, permitindo o deslocamento dos peixes através da barragem. Contudo, a efetividade dos STP é amplamente questionada na literatura, por ser seletivo para algumas espécies e/ou permitir a transposição, apenas, no sentido jusante-montante. Portanto, é fundamental avaliar tanto os efeitos, como a eficiência das medidas de mitigação destes empreendimentos na diversidade da ictiofauna. Assim, o presente trabalho teve como objetivo principal, avaliar geneticamente a espécie migratória *Pseudoplatystoma corruscans* (pintado), a jusante e a montante da barragem da ITAIPU binacional, para verificar os índices de diversidade genética, fluxo gênico e estruturação populacional da espécie, analisando, assim, em última instância, a eficiência do canal da piracema.

2 METODOLOGIA

A variabilidade e a estrutura genéticas de *P. corruscans* foram obtidas por meio da genotipagem para sete loci microssatélites. Para isso, foram analisados 112 espécimes de três localidades na bacia do rio Paraná, as quais estão separadas por

hidroelétricas. As amostras do rio Paranapanema (AP-1) (53 espécimes) e do rio Ivinhema (AP-2) (19 espécimes) fazem parte da bacia do alto Paraná (AP), enquanto a amostra rio Paraná (BP) (40 espécimes) estão localizados na bacia do baixo Paraná-Paraguay (BP). A população AP-1 está isolada das populações AP-2 e BP por seis e sete usinas hidroelétricas, respectivamente, das quais, quatro delas não apresentam STP. A população AP-2 está isolada da população BP por uma usina hidroelétrica que apresenta STP (Itaipu). A extração e amplificação do DNA e genotipagem dos sete loci de microssatélite foram feitas de acordo com Pereira *et al.* (2009). Para as análises de variabilidade genética foi utilizado o software GenALEx 6.502, sendo obtidos o número total de alelos, alelos privados, heterozigocidades observada e esperada (H_E , H_O) e os desvios do equilíbrio de Hardy-Weinberg (HWE). A frequência de alelos nulos, foi calculada de acordo a Dempster *et al.* (1977) utilizando o software FreeNA. Para as análises de estruturação genética, foi utilizado o método de atribuição Bayesiana implementado no software STRUCTURE 2.3.4, para achar o número mais provável de clusters genéticos. O software GENECLASS2 foi utilizado para o teste de atribuição. Para inferir os índices de fluxo gênico histórico e recente foram utilizados os softwares Migrate-n v.3.6.11 e BAYESASS v.3.0.4, respectivamente. Para comparar as taxas de migração histórica e recente foi seguido o protocolo proposto por Gibs e Chiucci (2010), que utiliza os valores de m diretamente gerados pelo BAYESASS e os valores estimados de m de $M(m/\mu)$ gerados pelo MIGRATE-n pela multiplicação de todos os valores de M por uma taxa de mutação conservada estimada de $\mu = 5.10^{-4}$.

3 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

Os efeitos antrópicos contemporâneos fazem com que as ações de monitoramento e estudo da biodiversidade sejam fundamentais e aplicáveis em diferentes níveis de organização biológica para entender seus impactos (Primack, Richard *et al.* 1998). Em especial, o nível genético tem ganhado importância, devido a estar ligado diretamente ao valor adaptativo das espécies em ambientes de constante mudança (Lande & Shanon, 1996). Dentro deste contexto, a diversidade da ictiofauna tem decaído frente a fragmentação do habitat (Agostinho *et al.*, 2003) decorrente do barramento das hidroelétricas, os quais geram mudanças na estrutura dos cursos de águas (Nilsson *et al.*, 2005), levando a uma subdivisão populacional, a qual interfere diretamente nos níveis de diversidade e estrutura genética. As espécies de peixes

migratórias, nestas situações, são as mais afetadas pois têm interrompidas suas rotas migratórias para fins reprodutivos (Pelicice et al., 2015). Para mitigar estes efeitos, foram criados os STP com o fim de permitir o deslocamento das espécies através da barragem. Contudo, a eficácia dos STP é altamente questionada, sendo relatada a dificuldade de certas espécies migratórias em atravessá-lo, como relatado para *P. corruscans* (Fernandez, 2000). Assim, é preciso conhecer os efeitos destes empreendimentos e a eficiência dos seus meios de mitigação para a manutenção da diversidade da ictiofauna. Graças aos avanços na genética molecular e de populações, tem sido possível complementar os métodos tradicionais de monitoramento e avaliação de tais impactos, mediante o acesso ao material genético e analisar os fatores contemporâneos que moldam a diversidade genética, no presente, mediante o uso de marcadores moleculares. Dentro destes, os microsatélites são ideais para verificar como os fatores contemporâneos resultantes das ações antrópicas afetam a diversidade genética, devido a serem marcadores altamente polimórficos e com uma alta taxa de mutação (Abdul-Muner, 2014), sendo ideias para o nosso objetivo de estudo.

4 RESULTADOS

Um total de 78 alelos foram observados (média de 11,14 alelos por locus). As heterozigotidades observada e esperada foram de $0,54 \pm 0,05$ e $0,66 \pm 0,04$, respectivamente. Os indivíduos amostrados das três localidades foram atribuídos à dois clusters genéticos (STRUCTURE), correspondentes às duas bacias hidrográficas analisadas (AP e BP). O índice *Fst* par-a-par, mostrou estruturação genética moderada entre as duas bacias analisadas (0,0867) e entre as três localidades analisadas (variando de 0,0856 à 0,1153) com um *Fst* global de 0,0856 e 0,1048, respectivamente. As taxas de migração históricas estimadas, considerando as duas bacias (AP e BP), mostraram valores de $m=0,4\%$ de BP à AP e de $m=0,7\%$ de AP à BP. As taxas de migração recentes estimadas mostraram valores de 1,71% (1,50-1,90%) de AP à BP e de 2,54% (2,20-2,80%) de BP à AP.

5 CONCLUSÕES

Os resultados mostraram que, apesar da condição atual de habitat fragmentado, as amostras de *P. corruscans* mantem altos níveis de diversidade genética. Os valores médios de números de alelos e H_E , são de modo geral, consistentes com as médias

observadas para outras espécies de peixes. As análises do programa STRUCTURE indicaram a existência de dois clusteres genéticos, que coincidem com as bacias do alto e baixo Paraná-Paraguay, corroborando a hipótese de que, o extinto Salto de Sete Quedas (entre as duas bacias), era uma barreira efetiva para a migração de *P. corruscans*. As comparações entre as taxas de migração históricas e recentes evidenciaram o efeito dos impactos da fragmentação devido às usinas hidroelétricas na conectividade e estrutura genética de *P. corruscans*. As taxas históricas de migração, foram <1%, indicando um fluxo genético restrito, corroborando os resultados do STRUCTURE e das análises do índice *FST*. Em contrapartida, as taxas de migração recentes foram cerca de 3,8 a 4,2 vezes maiores que as taxas de migração históricas. Este incremento nas taxas de migração recentes pode ser explicado pela formação do reservatório da ITAIPU, que deslocou a barreira do Salto de Sete Quedas, cerca de 159 quilômetros acima, permitindo assim, a mistura de indivíduos das duas províncias ictiofaunísticas (alto e baixo Paraná) previamente isoladas. Por outro lado, uma hipótese alternativa, seria atribuir o aumento nas taxas de migração recentes, à migração de peixes pelo canal de piracema. Contudo, devido aos inúmeros questionamentos e evidências da ineficiência destes sistemas, relatados na literatura (Agostinho *et al.*, 2003), acreditamos ser mais plausível a primeira hipótese. Assim, os resultados mostram que as populações de *P. corruscans* estão sob os efeitos da fragmentação dos rios, principalmente devido a mistura de populações previamente estruturadas, as quais estão modificando sua estrutura genética original.

6 PRINCIPAIS REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICA

ABDUL-MUNEER, P. M. Application of microsatellite markers in conservation genetics and fisheries management: recent advances in population structure analysis and conservation strategies. *Genetics research international*, v. 2014, 2014.

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.

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.