

Área Temática:

---

Genética Molecular e  
Citogenética

---

### Descrição cariotípica inédita de duas espécies do gênero *Belostoma* Latreille, 1807 (Insecta, Belostomatidae)

CASSIANE FURLAN LOPES  
ADRIANO ALVES DE PAULA  
RICARDO JOSÉ GUNSKI  
ANALÍA DEL VALLE GARNERO  
JOSÉ RICARDO INACIO RIBEIRO  
Universidade Federal do Pampa

O gênero *Belostoma* Latreille, 1807 é muito diverso, possui cromossomos holocêntricos e muitas espécies têm sistema de determinação sexual múltiplo. De 42 espécies que ocorrem na América do Sul, apenas 17 possuem descrições citogenéticas. Os eventos de agmatoploidia e simploidia são possíveis causas de modificações no cariótipo ancestral ( $2n = 26+X1X2Y$ ). Descrevemos de maneira inédita o número diplóide e o acúmulo de heterocromatina constitutiva utilizando seis indivíduos machos, três de *Belostoma angustum* e três de *B. sanctulum*. Foi utilizada preparação de lâminas convencionais por esmagamento, onde os filamentos testiculares foram fixados em Carnoy (3:1) por 30 minutos, hipotonizados durante 3 minutos, macerados em ácido acético 45% e corados com Giemsa 3% durante 20 minutos. Também utilizou-se a técnica de bandeamento C corado com Giemsa em *B. angustum* e bandeamento C corado com CMA3/DAPI em *B. sanctulum*. Verificando-se a presença de blocos heterocromáticos evidenciados após o tratamento com hidróxido de bário. As metáfases meióticas encontradas em *B. angustum* indicaram a existência de um cariótipo conservado com sistema sexual múltiplo, seguindo o padrão ancestral proposto. O mesmo não se repetiu para *B. sanctulum*, a qual possui  $2n = 28 + XY$ , provavelmente causado por agmatoploidia. O bandeamento C com coloração Giemsa 3%, confirmou a presença de blocos heterocromáticos em *B. angustum* e dos cromossomos sexuais múltiplos, sendo, Y (monovalente), X1 e X2 (bivalentes). Já o bandeamento C com coloração CMA3/DAPI, não evidenciou marcações positivas, não sendo suficiente para confirmar os blocos heterocromáticos ricos em GC e AT, respectivamente. Os estudos preliminares acerca da citogenética dessas espécies são importantes na compreensão da evolução cariotípica do gênero *Belostoma*. Porém outros estudos, incluindo citogenética molecular se fazem necessários para complementar os dados da descrição cariotípica destas espécies.

**Palavras-chave:** *Belostoma angustum*, *Belostoma sanctulum*, Agmatoploidia, Cariótipo.

**Agência Financiadora:**

## Estrutura e diversidade genética da população de queixadas (*Tayassu pecari*) do Pontal do Paranapanema (SP)

ANNA CAROLINA RUSSO CURBELO MARTIN<sup>1</sup>

FERNANDA DE G. MACIEL<sup>1</sup>

ALESSANDRA FERREIRA DALES NAVA<sup>2</sup>

MARCELLO S. NARDI<sup>3</sup>

CIBELE BIONDO<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do ABC

<sup>2</sup>Instituto Leônidas e Maria Deane

<sup>3</sup>Divisão Técnica de Medicina Veterinária e Manejo da Fauna Silvestre

A perda e fragmentação de habitat decorrente de atividades antrópicas leva à redução no tamanho das populações e à consequente perda da variabilidade genética. O que, por sua vez, compromete o potencial evolutivo das populações, aumentando suas chances de extinção. A queixada (*Tayassu pecari*) é uma espécie-chave considerada vulnerável globalmente e criticamente ameaçada na Floresta Atlântica, por conta da pressão de caça e perda e fragmentação do habitat. Neste trabalho, foi avaliado o status genético da população de queixadas do Parque Estadual do Morro do Diabo (PEMD) e de dois fragmentos do seu entorno, na região do Pontal do Paranapanema (SP). Devido ao local de estudo ser uma região altamente fragmentada, esperava-se encontrar uma população estruturada geneticamente, em função de uma possível interrupção no fluxo gênico entre fragmentos, e com baixa diversidade genética e evidência de endogamia. Para tal, 53 amostras de sangue foram genotipadas para 11 microssatélites. Conforme o esperado, a população está estruturada em duas subpopulações, conforme resultado de análise bayesiana ( $K=2$ ): uma correspondente ao PEMD e a outra, aos dois fragmentos. Entretanto, a diversidade genética das duas subpopulações foi similar à de populações mais bem conservadas do Pantanal. Além disso, não foi detectada evidência de endogamia (PEMD:  $FIS = 0,02$ ;  $p < 0,02$ ; fragmentos:  $FIS = -0,02$ ;  $p < 0,02$ ). Apesar da diferenciação genética em duas subpopulações, estas estão mantendo diversidade genética, o que pode ser explicado por presença de fluxo gênico com áreas que não foram analisadas neste estudo ou por um padrão de diferenciação recente dessas subpopulações. Devido ao grau de antropização, sugere-se um estudo mais detalhado da população, incluindo amostragem de outros fragmentos do entorno e de variáveis da paisagem, para um planejamento acurado de programas de conservação da espécie nesta região.

**Palavras-chave:** Endogamia, Microssatélite, PEMD, Tayassuidae.

**Agência Financiadora:** UFABC; CAPES; FAPESP (2015/20133-0)

**Piscine micronucleus test and evaluation of erythrocyte nuclear abnormalities in *Rhamdia quelen* (Quoy & Gaimard, 1824) short term exposure to herbicide 2,4-D**

ALICIANE DE ALMEIDA ROQUE  
ANA FLÁVIA MARCELINO  
TÁBATA KIM MARQUES SOARES  
DENIS DAMÁSIO  
ELTON CELTON DE OLIVEIRA  
NÉDIA DE CASTILHOS GHISI  
THIAGO CINTRA MANIGLIA

Universidade Tecnológica Federal do Paraná

The use of biomarkers in ecotoxicological studies constitutes a sensitive method, since it allows early investigation of the occurrence of damages that a xenobiotic cause on bioindicators. The main advantage of biomarkers is the fact that possible damage on the health of organisms can be early detected so that remedial measures are taken, that is before it is reflected in a larger scale. The objective of this study was to evaluate the genotoxicity of the herbicide 2,4-Dichlorophenoxyacetic acid on a Brazilian native species of fish. They were submitted to concentrations of 0, 15, 30 and 60 µg/L of active principle, diluted in water for a period of 24 hours. The animals were anesthetized in 20% benzocaine. The blood samples were fixed on slide and then stained with 10% Giemsa. The analysis of 1000 cells/slide was carried out, and the values of the erythrocyte nuclear abnormalities and micronuclei frequency were recorded. The data were evaluated by the Kruskal-Wallis statistical test. It revealed that, there was no significant difference between the different treatments, that is, the contaminated groups presented changes in the cell at the same rate as the negative control. This result suggests that the concentrations employed, as well as the short-term exposure to 2,4-D, were not sufficient to cause changes in the genetic material of the individuals tested. This could also indicate that the concentration of 30 µg/L allowed for the class 3 water according to resolution nº 357 of CONANA is safe for this parameter in question. However, further analyzes evaluating different biomarkers need to be carried out, as well as the assessment of the exposure in longer periods and therefore a more reliable conclusion can be reached to indicate the safety or toxicity of this product.

**Palavras-chave:** Mutagenesis, Bioassay, 2,4-Dichlorophenoxyacetic acid.

**Agência Financiadora:** Capes; CNPq; Fundação Araucária

## Bat fauna in the Atlantic Forest hotspot: comparatives of genetic diversity and communities between protected areas and urban ecosystems

LUCAS GONCALVES DA SILVA<sup>1</sup>  
TEREZA CRISTINA DOS SANTOS LEAL MARTINS<sup>1</sup>  
CARLOS HENRIQUE CAMPOS BEZERRA NEVES<sup>2</sup>  
ANDREZA LUCIANA DE ARAÚJO BARBOSA OLIVEIRA<sup>3</sup>  
ANA CRISTINA LAUER GARCIA<sup>2</sup>  
MARTIN ALEJANDRO MONTES<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco

<sup>2</sup>Universidade Federal de Pernambuco

<sup>3</sup>Universidade de Pernambuco

The modification of forested landscapes in urban ecosystems promote many effects under the biodiversity in reduced remaining forests fragments. In Brazil, the Atlantic forest hotspot is the most degraded biome by anthropogenic activities and studies about human effects under biodiversity are still scarce. In this context, bats are excellent models to evaluate this impacts, because are sinanthropic animals that present high diversity and abundance in the Atlantic forest. This study aimed to compare and evaluate ecological factors of bat species (richness, abundance and composition of species) between three protected areas and three urban ecosystems, based on genetic data obtained from chiroptero fauna of the north domain in Atlantic Forest hotspot (Pernambuco State, Brazil). We performed 10 days of sampling fieldwork in each of these locations. Bat blood samples were obtained from all locations, and used to analyze genetic diversity and structure through four molecular ISSR markers (Inter Simple Sequence Repeat). We collected 685 bats, with a sample effort of 70,560 m<sup>2</sup>.h, representing 18 species, including 15 genera and five families. In protected areas were recorded 397 specimens of 18 species and, in urban ecosystems were recorded 288 specimens of 10 species. There were no significant differences in abundance ( $F=3,9551$ ,  $df= 5$ ,  $p=0,186$ ) and species richness ( $F=9$ ,  $df=5$ ,  $p=0,0949$ ) among environments. The three species most abundant were: *Carollia perspicillata* ( $X^2=0,527$ ,  $gl=2$ ,  $p<0,7682$ ), *Phyllostomus discolor* ( $X^2=3,534$ ,  $gl=2$ ,  $p=0,1709$ ), with no differences between the environments analyzed. In contrast, *Artibeus obscurus* showed significative difference ( $X^2 = 10,307$ ,  $gl=2$ ,  $p<0,0058$ ). The most abundant species was selected for genetic analyses (*C. perspicillata*;  $n=96$  with 87 amplified polymorphic fragments). Genetic variability was high in protected areas (27,08) and urban ecosystems (25,19), but no genetic structure was found. Urbanization affects negatively the chiroptero fauna, and protected areas are a key strategy for biodiversity conservation in the Atlantic forest biome.

**Palavras-chave:** ISSR, genetic variability, population genetics, mammals.

**Agência Financiadora:** CNPq; CAPES; FACEPE

### Diversidade genética do gênero *Pygoderma* (Chiroptera: Phyllostomidae)

ROBERTA BONELA DE SOUSA  
BRUNA DA SILVA FONSECA  
ALBERT DAVID DITCHFIELD

Universidade Federal do Espírito Santo

*Pygoderma* é um gênero monotípico da família Phyllostomidae, a qual pertence *Pygoderma bilabiatum*. Duas subespécies são reconhecidas, cujos dados morfológicos apresentam divergências. Ademais, *P. b. magna* ocorre apenas numa região entre o Gran Chaco e a Cordilheira dos Andes, compreendendo a Bolívia e o noroeste da Argentina, enquanto *P. b. bilabiatum* ocorre na Argentina, Paraguai e Brasil; e não há indícios na literatura sobre sobreposição destas. Logo, especulou-se se seriam populações distintas por possível redução do fluxo gênico decorrente da barreira do Gran Chaco. Para testar essa hipótese, utilizou-se 20 sequências nucleotídicas obtidas pelo GenBank e por extração de DNA, amplificação (PCR) do gene Citocromo-b e sequenciamento. As sequências foram editadas no Geneious v.9.05 e alinhadas no MEGA6.06. As distâncias genéticas foram obtidas também pelo MEGA6.06. Realizou-se análises filogenéticas de Máxima Verossimilhança e Análise Bayesiana, no RAxML e Mr.Bayes 3.1. Para criar a rede de haplótipos utilizou-se o Network v.5.10. A análise das distâncias genéticas e das árvores filogenéticas revelaram uma divergência muito baixa (menos de 1%) entre as sequências e não esclareceu as relações entre os indivíduos, porém descartou a hipótese das subespécies representarem populações distintas. Os quirópteros geralmente não apresentam padrões geograficamente restritos de distribuição de linhagens por se deslocarem através do voo. Assim, essa capacidade de transpor barreiras pode facilitar a manutenção do fluxo gênico. Portanto, o pressuposto de que o Gran Chaco representaria uma barreira geográfica pode ser rejeitada, visto também que a similaridade entre as sequências pode ser um indicio que há fluxo gênico entre as populações. Apesar da baixa divergência entre as sequências, foi notória a grande diversidade haplotípica e essa combinação de fatores sugere que a população tem muitos haplótipos diferentes fortemente relacionados. Também é um indicativo de um cenário conseqüente de recente expansão populacional, o qual foi corroborado pelo teste D Tajima.

**Palavras-chave:** Gênero monotípico, Diversidade críptica, Citocromo-b.

**Agência Financiadora:** FAPES - Fundação de Apoio à Pesquisa do Espírito Santo

## **Influencia de factores espaciales en la estructuración genética de *Heptapterus mustelinus* (Siluriformes: Heptapteridae) de la Cuenca del Paraná III (BP III)**

PILAR MIREYA HUATATOCA VARGAS

LUIZ HENRIQUE GARCIA PEREIRA

Universidade Federal da Integração Latino-Americana

La genética de paisaje tiene como objetivos describir, analizar y explicar la forma en que interactúan características del paisaje, así como, aspectos de estructura y variabilidad genética en individuos y poblaciones de especies. Tales estudios ayudan entender si dichas interacciones son una característica natural de la especie o son el resultado de actividades antrópicas. El presente trabajo aplicó este abordaje en el estudio de 15 muestras (139 especímenes) del pez *H. mustelinus* en arroyos de la BP III, una región vulnerable a impactos ambientales, tales como, la producción de energía eléctrica y agropecuaria. Los índices genéticos (diversidad nucleotídica, haplotípica y estructuración genética) fueron obtenidos con el marcador molecular D-Loop, y los datos espaciales analizados fueron la distancia geográfica entre puntos, vía lecho del río; y la complejidad de la red de drenaje (número de segmentos de río que conectan dos muestras). Los datos genéticos revelaron altos índices de diversidad ( $H_d=0,813$  y  $H=20$ ) y estructuración genética ( $\Theta_{ST}=0,70$ ). Los análisis espaciales mostraron que las muestras de *H. mustelinus* forman seis diferentes agrupamientos, correspondiendo parcialmente, a subcuencas hidrográficas. La estructuración genética mostró correlación positiva con las variables espaciales. Las distancias genéticas aumentan con el aumento de las distancias geográficas, indicando un aislamiento por distancia, el cual está asociado, principalmente, a la baja capacidad de dispersión de la especie. De la misma forma, el aumento de la complejidad entre los puntos, también refleja en el aumento de la distancia genética, indicando que la complejidad de la red de drenaje también ejerce influencia en la estructuración genética de las especies. Por otro lado, los puntos de diferentes subcuencas, que fueron agrupadas en un mismo cluster, parecen ser reflejo de una conexión reciente proporcionada por la formación del lago Itaipu.

**Palavras-chave:** Genética de paisaje, Ictiofauna, Geneland, StreamTree.

**Agência Financiadora:**

**Alta frequência de danos genômicos em células sanguíneas de *Abudefduf saxatilis* (Linnaeus, 1758) oriundos de piscinas naturais coralinas, Porto de Galinhas (PE)**

MÔNICA LÚCIA ADAM  
ANDERSON RODRIGUES BALBINO DE LIMA  
JOSÉ RODOLFO DE LIMA E SILVA  
KARLA BARBOSA TEIXEIRA

Universidade Federal de Pernambuco

O turismo tem se destacado por se tornar uma atividade de impacto ambiental, apesar dos seus benefícios econômicos. Porto de Galinhas é caracterizado demograficamente por uma população local fixa de cerca de 6600 habitantes. Porém, nos períodos de média e alta temporada (agosto a outubro; novembro a março, respectivamente) o balneário recebe um grande número de turistas, podendo quadruplicar o seu contingente populacional, levando a uma geração de resíduos, em média, de 100 toneladas por dia. Tendo em vista este panorama, objetivamente o presente estudo pretendeu diagnosticar os efeitos ambientais das ações turísticas por meio de métodos quantitativos de detecção de danificação genômica (Teste Micronúcleo e Alterações Morfológicas Nucleares) perante o ambiente selecionado. Foram analisadas quanto à presença de micronúcleos e alterações morfológicas nucleares 3000 células sanguíneas de 10 exemplares de *Abudefduf saxatilis*, coletados em dois meses consecutivos (julho e agosto/2017) em uma piscina natural de Porto de Galinhas (PE). Os animais apresentaram um elevado número de células micronucleadas, tendo uma elevação quantitativa significativa (ANOVA  $p < 0,00001$ ; confirmada pelo teste a posteriori de Tukey  $p < 0,00001$ ) de danos entre os dois meses de coleta, onde a maior incidência ocorreu em agosto, coincidindo com o início da média temporada turística da região. Apesar da análise estatística das alterações nucleares, não terem mostrado diferenças significativas entre os meses de coleta em uma análise conjunta, quando as mesmas foram avaliadas individualmente, mostraram-se estatisticamente (pelos testes ANOVA e Tukey) diferentes as seguintes alterações: Células binucleadas ( $p < 0,00001$ ); Blebbed ( $p < 0,01$ ), Bud ( $p < 0,01$ ) e Lobed ( $0,00001$ ). Portanto, o cenário de danificação genômica apresentado pelos animais bioindicadores desta região costeira, é de extrema preocupação tanto para a saúde ambiental quanto humana. A partir deste diagnóstico, sugere-se o monitoramento dos impactos apresentados podendo, desta maneira, levantar questões e sugerir medidas de remediação para a recuperação do ambiente e um desenvolvimento sustentável.

**Palavras-chave:** Alterações nucleares, Diagnóstico, Impacto ambiental, Micronúcleos.

**Agência Financiadora:**

### **Caracterização morfológica e cariotípica de duas espécies do complexo *Omophoita-Alagoasa* (Coleoptera: Chrysomelidae: Galerucinae: Alticini)**

CAMILA ALVES DOS ANJOS  
MARA CRISTINA DE ALMEIDA MATIELLO  
ELYNTON ALVES DO NASCIMENTO  
Universidade Estadual do Centro-Oeste

*Omophoita octoguttata* (Fabricius, 1775) é reconhecida por apresentar oito manchas claras nos élitros pretos, seis na posição superior e duas nas laterais, e mácula na cabeça. *Alagoasa areata* (Germar, 1824), que é semelhante fenotipicamente a *O. octoguttata*, porém sem a presença de mácula na cabeça, pode ser encontrado no mesmo habitat. Devido à similaridade desses besouros, que eram coletados juntos, o objetivo deste trabalho foi diferenciá-los genética e morfológicamente. Dez indivíduos de cada, foram coletados no Distrito de Itaiacoca, Ponta Grossa, PR, e comparados com exemplares já identificados do Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo. A análise cromossômica foi realizada através dos cromossomos meióticos, utilizando os testículos de adultos, fixados em Carnoy I, macerados em lâmina e corados com Giemsa. O estudo morfológico interno foi realizado por meio da dissecação das peças bucais e genitália, utilizando protocolo modificado de Smith (1979). As espécies apresentaram número diplóide igual a 22 cromossomos de morfologia diferente, *O. octoguttata* apresenta cromossomos com morfologia acrocêntrica e *A. areata* com morfologia acrocêntrica e submetacêntrica, e ambas apresentam 2 cromossomos sexuais gigantes. Morfológicamente, *O. octoguttata* tem, ângulos apicais pronotais pontiagudos, enquanto *A. areata* tem ângulos arredondados. O fêmur é mais alongado em *O. octoguttata* e dilatado em *A. areata*. Houve diferença significativa na forma dos lobos-médios, nos machos, e no spiculum ventrale, nas fêmeas. As peças bucais têm poucas diferenças de formato, sendo mais diferenciáveis em relação ao tamanho; e os palpômeros labiais são mais longos em *O. octoguttata*. O estudo detalhado das duas espécies estudadas mostrou diversas características genéticas e morfológicas que permitem a sua diferenciação. Todavia, tais diferenças podem ser consideradas fenotipicamente sutis para potenciais predadores. Assim, a semelhança externa geral entre as espécies analisadas pode se tratar de mimetismo, algo comum em Chrysomelidae.

**Palavras-chave:** Morfologia, Cariótipo, Cromossomos, Meiose.

**Agência Financiadora:** CNPq

### **Caracterização cromossômica da espécie *Rhinella jimi* (Stevaux, 2002) (Anura, Bufonidae) da região de Picos, Piauí**

MARIA RITA DOS SANTOS CÂNDIDO<sup>1</sup>, MARCELO JOÃO DA SILVA<sup>1</sup>,  
ANA PAULA DE ARAÚJO VIEIRA<sup>1</sup>, FLÁVIA MANOELA GALVÃO CIPRIANO<sup>1</sup>,  
JOSÉ NILTON DE ARAÚJO GONÇALVES<sup>1</sup>, ANA CAROLINA LANDIM PACHECO<sup>1</sup>,  
MARCIA MARIA MENDES MARQUES<sup>1</sup>, TAMARIS GIMENEZ PINHEIRO<sup>1</sup>,  
EDSON LOURENÇO DA SILVA<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Curso Licenciatura em Ciências Biológicas, Universidade Federal do Piauí, CSHNB

<sup>2</sup>Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Piauí, Campus Picos

Dentre os anfíbios anuros da fauna brasileira, os integrantes da família Bufonidae são os mais conhecidos, tendo suas características citogenéticas e ecológicas bastante estudadas. Contudo, do ponto de vista taxonômico o grupo é marcado por constantes revisões e reposicionamento de algumas espécies. Esta família possui 528 espécies, distribuídas em 46 gêneros. O gênero *Rhinella* é o mais representativo no Brasil, com 40 espécies descritas. *Rhinella jimi* é a que mais se destaca no nordeste brasileiro, principalmente pela estreita relação com o ambiente urbano. Dessa forma, o presente trabalho objetivou analisar o cariótipo dos indivíduos de *R. jimi* capturados na região Picos, semiárido piauiense. As preparações cromossômicas foram obtidas a partir de células do epitélio intestinal e pulmões, e analisadas por meio de coloração convencional com Giemsa, bandamento C e impregnação por nitrato de prata coloidal. Tanto indivíduos machos quanto fêmeas apresentaram  $2n=22$  cromossomos ( $NF=44$ ), constituído por 11 pares de macrocromossomos do tipo metacêntrico e submetacêntrico. Não foi evidenciado heteromorfismo sexual na espécie. Segmentos heterocromáticos discretos foram visualizados em regiões centroméricas, pericentroméricas e teloméricas da maioria dos cromossomos. Não foi possível observar constrições secundárias e as regiões organizadoras de nucléolos ficaram restritas somente a um par cromossômico nas porções terminais dos braços curtos. Os estudos envolvendo o uso de marcadores cromossômicos em populações naturais fornecem informações valiosas sobre os processos que dirigiram a evolução cariotípica das espécies. A análise cromossômica de *R. jimi*, permitiu identificar que a espécie possui um cariótipo muito próximo do observado em outras espécies da família Bufonidae nas quais o número diploide permanece inalterado na maioria das espécies, sem maiores indícios de rearranjos estruturais indicando a relativa estabilidade na macroestrutura cariotípica do grupo.

**Palavras-chave:** Anfíbios, Banda C, Citogenética, NOR.

**Agência Financiadora:** ProAgrupar/IFPI

### **Genética de Comunidades: relação entre las diversidades genéticas y de especies de peces en la Cuenca del Paraná III**

JERSON ROGELIO CHANCHAY CASTRO

LUIZ HENRIQUE GARCIA PEREIRA

Universidade Federal da Integração Latino-Americana

Las diversidades genética y de especies, han sido estudiadas separadamente, a pesar de que ambos niveles se encuentran en interacción dentro de los ecosistemas. En la actualidad, se sabe que los procesos que mantienen la diversidad en ambos niveles, son semejantes. De esta manera, estudios han demostrado la existencia de paralelismos entre ellos. En este contexto, la genética de comunidades pretende integrar ambos enfoques de estudio, buscando posibles relaciones y compartiendo herramientas que se han desarrollado independientemente. Dentro de este contexto, el objetivo de este trabajo fue analizar la correlación entre la diversidad genética de la especie *Heptatptherus mustelinus* (índice de Shannon y  $\Theta$ ST) y la diversidad de especies en las asambleas (índice de Shannon y Bray Curtis), asociándolas con las variables ambientales (temperatura, pH, conductividad, turbidez, sólidos totales disueltos, profundidad media, anchura del estero, velocidad media de la corriente del agua, porcentaje de sombra y altitud) y distancia geográfica. Los resultados mostraron la inexistencia de correlación entre ambos niveles de diversidad. No en tanto, la distancia geográfica se correlaciona con la diferenciación genética ( $\Theta$ ST) entre las poblaciones, revelando un patrón de aislamiento por distancia. Además, el pH y porcentaje de sombra, fueron significativos para explicar la diversidad genética. Siendo que, la diversidad genética aumentó a medida que disminuyó la sombra y el pH. La sombra podría ser explicada por sobre posición de nicho de la especie, en locales con mayor cobertura vegetal, no en tanto, el pH no está muy claro, ya que puede ser la causa o el síntoma de otro efecto. El trabajo se mostró bastante relevante, ya que integró dos áreas de conocimiento, las cuales son escasamente exploradas en peces de la región Neotropical. A pesar de no encontrar una relación en ambos niveles, la utilización de herramientas compartidas, revela nuevos resultados y genera nuevas dudas.

**Palavras-chave:** Paralelismo, Ecología, Genética, Ictiología, □-SGDC, □-SGD.

**Agência Financiadora:** UNILA

### **Análise cromossômica de duas colônias da espécie *Tetragonisca angustula* do cerrado e mata amazônica do estado do Mato Grosso**

ANDERSON MEDEIROS DALBOSCO  
ADRIANE BARTH  
Instituto Federal de Mato Grosso

As abelhas sem ferrão são importantes para a manutenção da diversidade da flora nativa e cultivada devido ao papel que desempenham enquanto polinizadoras. A crescente degradação das florestas nativas para cultivo agrícola no estado de Mato Grosso tem reduzido as populações destes organismos e gerado extensões de área sem floresta, o que pode impedir o fluxo gênico entre as colônias de abelhas. Este trabalho tem como objetivo descrever o cariótipo da espécie *Tetragonisca angustula* e identificar possíveis variações cromossômicas entre diferentes colônias. Para tanto, foi analisada uma colônia proveniente do município de Juína (área de floresta amazônica) e uma colônia do município de Jucimeira (área de Cerrado), ambos no estado do Mato Grosso e distantes cerca de mil km entre si, através das técnicas citogenéticas de coloração convencional por Giemsa e bandeamento Ag-NOR. Foi possível determinar número cromossômico de  $2n=34$  para ambas as colônias analisadas. Estes dados corroboram com os resultados obtidos por outros pesquisadores em outras regiões. Através da técnica de bandeamento Ag-NOR foi possível visualizar de três a nove marcações de sítios de rDNA ativos na colônia proveniente do município de Juína e de duas a sete marcações na colônia proveniente de Jucimeira. O número de sítios ativos de rDNA pode variar em células de uma espécie e até mesmo dentro de um único indivíduo, dependendo do metabolismo da célula. Conclusões: os dados aqui apresentados indicam que ambas as colônias apresentam similaridade com relação a composição cromossômica, indicando presença de fluxo gênico. No entanto, considerando que o avanço no desmatamento, que poderia causar isolamento reprodutivo entre as colônias, é relativamente recente, técnicas citogenéticas mais refinadas se fazem necessário para identificar pequenas as variações genéticas entre os indivíduos destas duas regiões.

**Palavras-chave:** Citogenética, Fluxo gênico, Abelhas sem ferrão.

**Agência Financiadora:** IFMT; FAPEMAT

## **Biomonitoramento de *Astyanax bifaciatus* como bioindicador de três afluentes do Baixo Iguaçu**

ANA FLAVIA MARCELINO<sup>1</sup>  
ALICIANE DE ALMEIDA ROQUE<sup>1</sup>  
CÁTIA CAPPELLI WACHTEL<sup>1</sup>  
MAYARA PEREIRA NEVES<sup>2</sup>  
NÉDIA DE CASTILHOS GHISI<sup>1</sup>  
ROSILENE LUCIANA DELARIVA<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Tecnológica Federal do Paraná

<sup>2</sup>Universidade Estadual do Oeste do Paraná

A expansão agrícola e o uso excessivo de agrotóxicos provoca diversos prejuízos ao meio ambiente, incluindo contaminação de corpos hídricos e aumento da mutagênese em organismos aquáticos. Avaliou-se a mutagênicidade na espécie *Astyanax bifaciatus* em três afluentes do Baixo Iguaçu, (Região Oeste do Paraná), municípios de Cascavel e Catanduvas, através do teste de micronúcleos e alterações morfológicas nucleares (ENA). Foram selecionados três pontos: um Rural (Córrego Carolina – 25°7'1.29"S, 53°10'34.81"O – P1), um Urbano (Afluente do Quati – 25° 0'1.33"S 53°28'45.86"O – P2) e um Preservado (Córrego Pedregulho – 25°6'7.17"S, 53°18'42.25"O – P3). Foram coletados 13 indivíduos em P1, 14 em P2 e 12 em P3, em fevereiro de 2017. O material utilizado foi sangue, coletado por punção cardíaca e em seguida realizou-se o esfregaço sanguíneo. Posteriormente, as lâminas foram fixadas com álcool 96% por 30 minutos, coradas com Giemsa 10% durante 10 minutos e analisadas sob microscopia óptica (100×). Os dados foram submetidos a análise de pressupostos. Os mesmos foram transformados em  $X=\text{Log}(x)$  e aceitos pelo teste de Shapiro-Wilk. Em seguida foram submetidos ao teste de Tukey. Os dados apresentaram diferença significativa, com um valor do F calculado=23.345 e um valor  $p < 0,0001$ . O ponto Rural diferiu dos outros dois pontos, sendo este o que apresentou a maior taxa de mutagênicidade através do teste de micronúcleos e ENA, que constatou diferentes tipos de alterações morfológicas nucleares. A discrepância encontrada em P1 pode ser explicada pela grande quantidade de xenobióticos que as áreas de cultivo agrícola liberam no meio ambiente, como fertilizantes químicos e agrotóxicos. Espécies aquáticas que habitam áreas contaminadas têm dificuldades para metabolizar essa grande quantidade de poluentes, as quais acabam por se acumular no organismo causando mutagênicidade.

**Palavras-chave:** Baixo Iguaçu, Micronúcleo, Agrotóxicos.

**Agência Financiadora:**

### **DNA ribossomal 5S e seu envolvimento no polimorfismo cromossômico de *Rineloricaria latirostris* (Siluriformes: Loricariidae)**

DAIANE SANTANA MARCONDES  
VIVIANE NOGAROTO  
MARCELO RICARDO VICARI  
LARISSA GLUGOSKI

Universidade Estadual de Ponta Grossa

A família Loricariidae possui representantes popularmente conhecidos como “cascudos”, sendo caracterizada por apresentar odontódios recobrimdo o corpo, ausência da nadadeira adiposa e a boca em forma de ventosa na região ventral. Possuem ampla diversidade cariotípica ( $2n = 34 - 96$  cromossomos) e estrutural, proveniente de vários tipos de rearranjos cromossômicos. Evidências sugerem o envolvimento de DNAs repetitivos como sítios para quebras cromossômicas, além disso trabalhos indicam que elementos transponíveis (TEs) são dispersores de rDNAs 5S em peixes, facilitando eventos de fissão/fusão Robertsonianos (Rb). Este trabalho objetivou analisar molecularmente o rDNA 5S em *Rineloricaria latirostris* (Rio Laranjinha) e seu possível envolvimento em rearranjos cromossômicos. Os exemplares foram coletados em seu habitat natural e deles extraiu-se DNA genômico, que foi utilizado como molde em reações de Polymerase Chain Reaction (PCR) para isolamento do rDNA 5S. Após amplificação e purificação, o rDNA 5S isolado foi submetido aos processos de clonagem e sequenciamento nucleotídico. A região isolada apresentou similaridade com rDNAs 5S de outras espécies de peixes, porém com a presença de um segmento de 276 pb relativo ao TE hAT (pertencente à superfamília hAT da classe II), entremeado à sequência do 5S. Considerando-se que os DNAs repetitivos são hotspots para quebras cromossômicas, estes resultados nos permitem inferir que este TE possa ter envolvimento na dispersão do rDNA 5S pelo genoma de *R. latirostris* e contribuir para os eventos polimórficos no grupo. Visto a presença de rDNA 5S em sítios de fusões Rb, pode-se inferir o re-uso evolutivo destas sequências para rearranjos cromossômicos em genomas de Loricariidae. Tais rearranjos tendem a afetar a plasticidade cromossômica, podendo, em determinado momento, refletir em eventos de especiação.

**Palavras-chave:** Diversidade cariotípica, Elemento transponível, Rearranjo cromossômico.

**Agência Financiadora:** CNPq

### **Caracterização e validação de marcadores de DNA barcode para *Sporophila maximiliani* Cabanis, 1851 (Passeriformes: Thraupidae)**

AMANDA ALVES DE MELO<sup>1</sup>  
CINTIA PELEGRINETI TARGUETA<sup>1</sup>  
LUIZ ALFREDO M. L. BAPTISTA<sup>2</sup>  
MARIANA PIRES DE CAMPOS TELLES<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Goiás

<sup>2</sup>Centro de Triagem de Animais Silvestres de Goiânia- IBAMA

<sup>3</sup>Pontifícia Universidade Católica de Goiás

A espécie *Sporophila maximiliani*, conhecida como bicudo ou bicudo-verdadeiro, ocorre em parte do centro, sudeste e nordeste do Brasil. É considerada criticamente ameaçada de extinção, devido ao tráfico ilegal para manutenção das aves em cativeiro, devido ao seu canto. A identificação de espécies utilizando sequências de DNA de genes específicos, conhecida como DNA barcode, pode auxiliar na fiscalização e ajudar na conservação dessas aves. A comparação da sequência do gene citocromo c oxidase I (COI) do DNA mitocondrial é muito utilizada para diferenciar espécies fortemente relacionadas, devido à alta taxa de mutação dessa região. O objetivo do trabalho foi caracterizar a região COI de *S. maximiliani* para submissão na plataforma BOLD Systems e contribuir com a identificação molecular desta espécie. Para isso, essa região foi amplificada por PCR utilizando três conjuntos de primers. Foram utilizados DNA extraído de 15 indivíduos. Após a amplificação, os fragmentos foram sequenciados na plataforma ABI3500. As sequências foram avaliadas no software SeqScape e submetidas à plataforma BOLD para comparação e análise de similaridade com outras espécies. Foram obtidos fragmentos variando de 508 a 705 pb. Dentre a sequência dos 15 indivíduos, o maior índice de similaridade foi entre o indivíduo Spm3 com a espécie *Sporophila crassirostris* (99.85%) e o menor foi entre Spm4 com *Sporophila minuta* (92.06%). Dois indivíduos apresentaram maiores semelhanças com a sequência de *S. crassirostris* depositada no BOLD (Spm3 99.85%; Spm5 99.84%). Esses mesmos indivíduos apresentam diferenças entre os indivíduos analisados. Estes resultados permitiram a caracterização do gene COI de *S. maximiliani*. A disponibilização da sequência barcode do bicudo poderá ajudar na fiscalização e combate ao tráfico ilegal e na diferenciação de espécies estritamente relacionadas.

**Palavras-chave:** Aves, Barcoding, Bicudo-verdadeiro, Cerrado, Tráfico.

**Agência Financiadora:** Fundação Grupo Boticário de Proteção à Natureza; INCT\_EECBio

**Desenvolvimento de marcadores microsatélites para *Sporophila maximiliani* Cabanis, 1851 (Passeriformes: Thraupidae)**

AMANDA MELO<sup>1</sup>, EVANGUEDES KALAPOTHAKIS<sup>2</sup>  
SANDRA LUDWIG<sup>2</sup>, LUIZ ALFREDO M.L. BAPTISTA<sup>3</sup>  
MARIANA LIMA HENRIQUES DOS SANTOS<sup>3</sup>  
RAMILLA BRAGA<sup>1</sup>, MARIANA PIRES DE CAMPOS TELLES<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Goiás

<sup>2</sup>Universidade Federal de Minas Gerais

<sup>3</sup>Centro de Triagem de Animais Silvestres de Goiânia

<sup>4</sup>Pontifícia Universidade Católica de Goiás

A espécie *Sporophila maximiliani*, conhecida como bicudo ou bicudo-verdadeiro, é considerada criticamente em perigo de extinção em função do intenso declínio da sua população natural por diferentes fontes de ameaças, incluindo o tráfico ilegal para criação em cativeiro e perda de habitat. Para traçar estratégias de conservação da espécie, torna-se importante a realização de estudos de genética de populações utilizando marcadores microsatélites, uma vez que a análise da variabilidade genética de microsatélites permite definir as estratégias de manejo que também podem ser utilizados para ordenamento e fiscalização. Neste contexto, o objetivo do trabalho foi desenvolver marcadores microsatélites para *S. maximiliani*. O DNA foi extraído do sangue de 14 bicudos e posteriormente amplificado a partir do teste de amplificação de 30 pares de primers para regiões microsatélites. Os fragmentos foram analisados em gel de acrilamida 6%, corados com nitrato de prata e o tamanho foi determinado por meio do Ladder 10bp. A temperatura de anelamento dos primers otimizados variou de 52 a 58°C. Dos 30 locos avaliados, 10 foram padronizados e são oriundos de 7 regiões microsatélites tetra e 3 hexanucleotídicas. Esses marcadores são polimórficos e apresentam bom poder de discriminação, com o número de alelos variando entre 5 e 16, heterozigosidade esperada entre 0,723 (Bic41) e 0,951 (Bic49). A probabilidade de identidade combinada foi de  $5,075 \times 10^{-14}$  e a probabilidade de exclusão de paternidade 0,999. Apenas dois locos apresentaram o valor de FIS positivo e significativo (Bic44= 0,735; Bic3798= 0,534;  $p \leq 0,01$ ). Estes resultados fornecem um conjunto de marcadores microsatélites com excelente potencial para caracterizar a variabilidade genética, realizar análises de paternidade, entre outros estudos genético-populacionais para *S. maximiliani*.

**Palavras-chave:** Aves, Bicudo-verdadeiro, Cerrado, Tráfico.

**Agência Financiadora:** Fundação Grupo Boticário de Proteção à Natureza; INCT\_EECBio.

### **Caracterização morfológica, molecular e compatibilidade reprodutiva de *Panonychus ulmi* (Acari: Tetranychidae) proveniente de macieiras e videiras**

JOSEANE MOREIRA DO NASCIMENTO<sup>1</sup>, DARLIANE EVANGELHO SILVA<sup>1</sup>,  
RITA TATIANE LEÃO DA SILVA<sup>1</sup>, RENATA SANTOS DE MENDONÇA<sup>2</sup>,  
DENISE NAVIA<sup>2</sup>, LIANA JOHANN<sup>1</sup>, NOELI JUAREZ FERLA<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade do Vale do Taquari

<sup>2</sup>Universidade de Brasília

*Panonychus ulmi* (Koch) (Acari: Tetranychidae) é um fitófago com ampla distribuição mundial, causador de danos econômicos em diversas culturas, destacando-se macieiras (*Malus domestica* Borkh) e videiras (*Vitis vinifera* L.). Está presente em macieiras no Brasil desde a década de 70, porém somente na safra de 2006 foi encontrado em videiras em Bento Gonçalves, Rio Grande do Sul, Brasil. Neste trabalho foi verificada a ocorrência de biótipos associados a estes hospedeiros, realizada pela caracterização morfológica, através de medições de caracteres morfológicos representativos para o gênero *Panonychus*, em fêmeas de 17 áreas de amostragem, caracterização molecular, na qual foram analisados três fragmentos: a região intergênica ITS do DNA ribossômico e dois fragmentos do gene citocromo c oxidase I (COI) do DNA mitocondrial e verificação da compatibilidade reprodutiva, na qual foram realizados cruzamentos entre uma população de macieiras proveniente de Vacaria (RS) e uma população de videiras proveniente de Bento Gonçalves (RS). Na caracterização morfológica, obteve-se sobreposição das populações através da análise dos componentes principais. Para a caracterização molecular, os resultados de COI demonstraram a ocorrência de linhagens distintas em macieiras e videiras, com baixa divergência intraespecífica (1,1%), indicando tratar-se de uma mesma espécie. Os resultados de ITS foram inconclusivos por problemas no sequenciamento. Com relação a compatibilidade reprodutiva, observou-se diferença significativa no potencial reprodutivo da população de macieiras, embora tenha havido compatibilidade reprodutiva nos cruzamentos realizados. Os resultados indicaram que as populações de *Panonychus ulmi* analisadas consistem em uma mesma espécie e sugeriram a ocorrência de biótipo ou host race ligada ao hospedeiro, com melhor desempenho em macieiras. Os resultados obtidos demonstraram a importância da caracterização de biótipos, pois estas informações são essenciais para o planejamento e aplicação em programas de controle biológico nas culturas avaliadas, ao nível de campo.

**Palavras-chave:** Cruzamentos, Ácaro vermelho europeu, Criações.

**Agência Financiadora:** Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio Grande do Sul (FAPERGS); UNIVATES.

### **Estudo populacional da espécie *Pyrrhulina brevis* (Characiformes): distribuição genética e dinâmica de igarapés**

SAYARA MEYRE ZAGURI PEREIRA  
THAIS SUZIANE CARNEIRO DE SOUZA  
OLAVO PINHATTI COLATRELI  
NATASHA VERDASCA MELICIANO  
Universidade Federal do Amazonas

Estudos de genética de populações são importantes para o desenvolvimento de cenários e testes de hipóteses evolutivas, por meio do acesso a variabilidade e distribuição genética, utilizando marcadores genético/moleculares. Nesse sentido, o presente trabalho teve como intuito analisar e comparar a variabilidade genético-populacional na espécie *Pyrrhulina brevis*, característica de pequenos cursos d'água (igarapés), a partir de marcadores moleculares tipo RAPD, servindo de modelo para pesquisas de estrutura genético-populacional de organismos neste tipo de ambiente. Foram realizadas coletas de *P. brevis* (N=10 a 12) em igarapés de 1°, 2° e 3° ordens, pertencentes a Reserva Experimental Adolpho/Ducke – Manaus/AM. Após a identificação taxonômica, uma amostra de tecido por espécime foi submetida extração de DNA, quantificação em gel de agarose e, posteriormente, a PCR/RAPD, utilizando primers selecionados, para obtenção do perfil eletroforético utilizado nas análises populacionais, visando comparar a caracterização e os padrões de distribuição genético-populacionais dentro e entre os pontos amostrados. Foram coletados 88 indivíduos, distribuídos entre sete pontos das três ordens, pertencentes a três microbacias distintas. Até o momento, foram obtidos resultados entre as populações dos igarapés da bacia Uberê (1° ordem) e Ipiranga (1° ordem), em que dos onze loci obtidos; sete (63%) foram polimórficos, com a frequência acima 5%, dentre os quais, nenhum foi exclusivo as localidades estudadas, em que a população dos igarapés Ipiranga e Uberê apresentaram, respectivamente, 45% e 90% de polimorfismo intrapopulacional a 99% de confiança. No teste exato, observou-se que os locus três e dez mostraram variações significativas entre os dois pontos ( $p < 5\%$ ). Verificou-se maior identidade genética (80,27%), do que divergência genética (21,97%) entre as duas localidades. Pode-se concluir que a população proveniente do igarapé Uberê apresenta maior polimorfismo genético, do que a do Ipiranga e que, embora pouco aparente, existe diferenciação genética entre estas populações, localizadas em diferentes microbacias.

**Palavras-chave:** Genética populacional, Adolpho Ducke, RAPD.

**Agência Financiadora:** Fundação de Amparo à Pesquisa – FAPAM

### Extração de DNA de pelos e fezes de felinos

GABRIELA BONFIM RIBEIRO  
ISABELLA CRISTINA DA SILVA  
MÁRCIA REGINA PINCERATI

Universidade Positivo

**CONTEXTO:** A elaboração de protocolos que permitem a extração de DNA de boa qualidade é de extrema importância para diversos ramos da ciência. Entre esses ramos, encontram-se os estudos dos padrões evolutivos. Para que tal objetivo seja alcançado, métodos não invasivos são cada vez mais explorados pelos pesquisadores por não trazerem estresse aos animais. **QUESTÃO:** Desenvolver um protocolo padrão para extração de DNA por métodos não invasivos, viabilizando seu uso em estudos genéticos e ecológicos. **MÉTODO:** Foram realizadas coletas de pelos e fezes de dois membros da espécie *Panthera tigris*. As fezes coletadas dos felinos possuíam no próprio material pelos permitindo o teste dessas duas fontes. Para as fezes um protocolo baseado em Kit de extração de DNA comercial e um protocolo caseiro baseado em extração salina do DNA foram testados. Para pelos o teste foi caseiro e também baseado em extração salina. **RESULTADOS:** A quantidade de DNA extraído das fezes no protocolo comercial foi de 5,9 ng/  $\mu$ L, com uma pureza de 0,114 nm. No protocolo caseiro para fezes se obteve uma quantidade de DNA de 478,1 ng/  $\mu$ L com pureza de 1,83 nm e para pelos a quantidade de DNA foi de 1317,1 ng/  $\mu$ L com pureza de 2,52 nm. **CONCLUSÕES:** Para ambos os materiais, os protocolos caseiros obtiveram maior sucesso que o comercial. Tal conclusão nos permitiu inferir que a literatura para métodos caseiros sobre a extração de DNA de fezes deve ser ampliada considerando que protocolos caseiros para a extração de DNA de pelos são mais frequentes na literatura.

**Palavras-chave:** Protocolo, Métodos caseiros, Kit comercial.

**Agência Financiadora:**

### Identificação molecular das raças milho e arroz de *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae), através de PCR-RFLP

FRANCIELLY SILVEIRA RICHARDT<sup>1</sup>  
DANIELE TASIER<sup>2</sup>  
ELDERSON RUTHES<sup>2</sup>  
ADRIANA MICHELI<sup>2</sup>  
LUÍS AMITON FOERSTER<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Paraná

<sup>2</sup>Fundação ABC

As lagartas de *Spodoptera frugiperda* são conhecidas como lagarta-do-cartucho ou lagarta-militar, é a principal praga do milho no Brasil e, nos últimos anos, está se expandindo para várias culturas, tais como: soja, algodão, arroz, trigo, aveia, cevada, gramíneas, entre outros. Esta espécie, tem sido geneticamente diferenciada em duas raças ou estirpes associadas às principais plantas hospedeiras, milho e arroz. Diferenciar as duas raças é de suma importância uma vez que pode existir resposta diferencial aos inseticidas utilizados. Sendo assim, o objetivo desse trabalho foi verificar a existência de diferenciação genética através de digestão enzimática em populações de *S. frugiperda*. O DNA genômico de 21 adultos foi extraído através do protocolo CTAB com modificações. Foi realizada a metodologia de PCR-RFLP da região COI com a enzima de restrição MspI para verificação das raças de *S. frugiperda* das populações estudadas. Dos 21 indivíduos analisados, 11 produziram um fragmento de aproximadamente 497 pb, e 10 indivíduos produziram bandas de 569 pb quando tratadas com a enzima de restrição. De acordo com a literatura (CANO-CALLE, 2015), o padrão de bandas esperado após o tratamento com a MspI é um fragmento de 569 pb para raça arroz e 2 fragmentos para raça milho, um de 497 pb e outro de 72 pb. No presente trabalho, foi verificado que houve distinção entre os indivíduos analisados, porém para a raça milho verificou-se apenas a presença do fragmento de maior tamanho (497 pb). No entanto, mesmo não havendo, para a população analisada, comportamento esperado para raça milho, quando utilizado MspI, foi possível visualizar que houve diferenciação genética nesta região, sendo que 10 indivíduos foram caracterizados como raça arroz e 11 possivelmente, como raça milho. Portanto, é possível afirmar que existem indivíduos geneticamente distintos nessas populações.

**Palavras-chave:** *Zea mays*, Lagarta-do-cartucho, Enzima de restrição.

**Agência Financiadora:** FUNDAÇÃO ABC; CAPES

### **Número cromossômico elevado é revelado em estudo citogenético de *Urucumania borellii* (Giglio-Tos, 1897) (Phasmida: Pseudophasmatidae: Pseudophasmatinae)**

SAMELLA GABRIELY MEDEIROS SOUZA  
RENAN DA SILVA OLIVIER  
DOUGLAS ARAUJO

Universidade Federal de Mato Grosso do Sul

Aproximadamente 60 das 3.196 espécies de Phasmida possuem dados cromossômicos disponíveis, com número diploide variando de  $2n\sigma=21-53$ . O sistema cromossômico sexual (SCS) mais frequente é do tipo  $X0\sigma/XX\text{f}$ . Pseudophasmatidae tem 309 espécies, entretanto, apenas quatro possuem estudos citogenéticos, uma de Pseudophasmatini e três de Prexaspini, com  $2n\sigma=23, 27, 34$  e  $47$ . Este trabalho apresenta a primeira descrição citogenética para *Urucumania* spp., comparando essa a de outras espécies da mesma família. Três machos e uma fêmea de *U. borellii*, obtidos da primeira geração de espécimes coletados no Morro do Paxixi, Aquidauana-MS, tiveram suas gônadas extraídas em solução fisiológica para insetos, colchicinizadas 0,16% (2h), hipotonizadas (H<sub>2</sub>O, 15 min.) e fixadas em metanol:ácido acético (3:1 – mínimo 30min.). A suspensão celular foi obtida dissociando-se parte da gônada em ácido acético 60% ou 45%, sobre lâmina de microscopia, e secando em placa aquecedora a 40°C. *Urucumania borellii* apresentou metáfases espermatogoniais com  $2n\sigma=45$  e metáfases oogoniais com  $2n\text{f}=46$ . Espermatócitos I em diplóteno revelaram 22 bivalentes autossômicos e um univalente sexual. Portanto, *U. borellii* possui um SCS do tipo  $X0/XX$ . O metacêntrico X é o maior elemento do cariótipo. Números diploides  $\geq 2n\sigma=45$  foram encontrados previamente em apenas cinco espécies de Phasmida; entretanto, dessas, apenas *Isagoras* sp. com  $2n\sigma=47$ , pertence à Pseudophasmatidae (Xerosomatinae: Prexaspini). *Pseudophasma menius* (Pseudophasmatinae: Pseudophasmatini), coletado na Costa Rica, apresentou  $2n\sigma=23, X0$ , sendo esse o menor número diploide para a família e divergindo do observado em *U. borellii* (Anisomorphini). Maiores discussões serão possíveis somente com a análise citogenética de outros gêneros de Pseudophasmatinae.

**Palavras-chave:** Anisomorphini, Bicho-pau, Cerrado, Meiose, Mitose.

**Agência Financiadora:**

### **Caracterização genética de pisciculturas na região do Médio-Solimões/Concentração - município de Coari/AM**

THAÍS SUZIANE CARNEIRO DE SOUZA  
SAYARA MEYRE ZAGURI PEREIRA  
OLAVO PINHATTI COLATRELLI  
NATASHA VERDASCA MELICIANO  
Universidade Federal do Amazonas

Segundo o levantamento do MPA (Ministério de Pesca Aquicultura), de 2010, o Amazonas é o maior produtor nacional de pescado de água doce, seja por vias extrativistas ou de cultivo, caso do município de Coari/AM, que embora desenvolva a prática piscícola, ainda carece de melhorias, necessitando da avaliação e monitoramento das populações cultivadas, como estudos genéticos, uma vez que a diversidade e a variabilidade genética são importantes para a manutenção e o manejo adequado das espécies cultivadas. Assim, o objetivo deste trabalho foi caracterizar geneticamente as populações de *Colossoma macropomum* trabalhados nas pisciculturas de Coari/AM, utilizando o marcador molecular de RAPD. Através das coletas, foram obtidas amostras de tecido provenientes de duas Pisciculturas e do Mercado Municipal, que serviu de ponto comparativo de análise. Foram realizadas a extração de DNA, quantificação em gel de agarose e a PCR/RAPD, utilizando primers selecionados, para obtenção do perfil eletroforético para as análises populacionais. Coletou-se 327 amostras de *C. macropomum*, espécie predominante na comercialização de pescado, tanto cultivada quanto selvagem, do mercado. Do perfil eletroforético comparativo nas populações ( $N_{pop}=12$ ) de cultivo e "in natura", observou-se 108 bandas distribuídas entre 11 locus, onde o nível de polimorfismo foi de 72,72%, com heterozigiosidade média de 22,4% no geral, com a frequência significativa para dois loci. A identidade genética (87,13%) foi maior que a divergência genética (12,87%) entre as populações. O polimorfismo, a diversidade de Shannon e heterozigiosidade média encontrados foram superiores para a população selvagem: 63,63%, 0,2785 e 20%, se comparado a cultivada: 45,45%, 0,1941 e 14,6%. Conclui-se que, menores os índices genéticos na população da piscicultura, podem refletir efeitos de pressão seletiva, deriva genética e maiores níveis de endogamia, frequentes em pisciculturas, geralmente consequência de eventos como gargalo e o fundador, o que torna importante estudos, desse tipo, voltados para estoques pesqueiros.

**Palavras-chave:** *C. macropomum*, Variabilidade, Estoques pesqueiros, RAPD.

**Agência Financiadora:**