

ANÁLISE GENÉTICA DA PIABA-FACÃO *LIGNOBRYCON MYERSI* (OSTEICHTHYES, CHARACIFORMES), ESPÉCIE AMEAÇADA DO ESTADO DA BAHIA.

Alexandre dos Santos Rodrigues¹, Paulo Roberto Antunes de Mello Affonso¹, Marcelo Cervini¹
Débora Diniz Bezerra¹

Bolsista PRH-PB 11, adsrod@gmail.com, ¹Departamento de Ciências Biológicas, Programa de Pós Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia

R E S U M O

MOTIVAÇÃO: As bacias hidrográficas costeiras do estado da Bahia são caracterizadas por elevado grau de endemismo de espécies aquáticas que enfrentam uma série de problemas relacionados à ocupação humana, represamento, poluição, introdução de espécies exóticas e sobrepesca. Apesar da importância singular desses sistemas hídricos, a fauna dos rios que fazem parte dessas bacias permanece pouco estudada. Dentre as espécies ameaçadas da fauna de peixes regionais e com poucos dados biológicos, destaca-se a piaba-facão (*Lygnobrycon myersi* MIRANDA RIBEIRO 1956), uma espécie de caracídeo de pequeno porte, endêmica do estado da Bahia. Essa espécie está listada no livro vermelho das espécies ameaçadas da fauna brasileira como vulnerável devido à fragilidade dos ambientes onde é encontrada e sua distribuição geográfica restrita. Até o momento, estudos genéticos nessa espécie são restritos a análises filogenéticas para determinar as relações evolutivas entre os representantes de Characidae, não abordando diferenças populacionais ou conservação genética.

OBJETIVO: Caracterizar e analisar a diversidade genética em populações de *L. myersi*, fornecendo informações sobre estrutura cromossômica e diferenciação populacional a partir de estudos citogenéticos e moleculares.

APLICAÇÃO NA INDÚSTRIA DO PETRÓLEO: Tais dados inéditos visam auxiliar na conservação dessa espécie, relacionando os resultados com possíveis impactos ambientais tais como introdução de espécies alóctones ou exóticas, represamento e poluição dos rios. A eventual identificação de unidades evolutivas únicas, estruturação populacional e outras peculiaridades advindas dos dados genéticos permitirão definir com precisão medidas de manejo adequadas e os impactos das atividades antrópicas (industriais e urbanas) sobre a conservação dessa espécie.

RESULTADOS OBTIDOS: As amostras de DNA dos indivíduos da Bacia do Rio de Contas e do Rio Almada foram amplificadas utilizando *primers* para o gene mitocondrial 16S e posteriormente sequenciadas. As amostras sequenciadas foram editadas e alinhadas pelo programa BioEdit 7. As sequências de *L. myersi* foram comparadas com amostras de *Astyanax fasciatus* (piaba) e de *Triportheus angulatus* gb-AY788082.1, *Triportheus nematurus* gb-HQ171383.1, *Triportheus pantanensis* gb-GQ368200.1 e *Triportheus orinocensis* gb-HQ171253.1 para análise de agrupamento e construção da árvore de Neighbor-Joining. Embora preliminares, verificou-se que as populações de *L. myersi* das duas Bacias compõem uma única unidade evolutiva, intimamente relacionada com o gênero *Triportheus*, considerado o grupo-irmão vivente. Os dados citogenéticos também mostraram similaridades com o padrão cariotípico de *Triportheus*, uma vez que os exemplares analisados apresentaram 2n= 54 com indícios de heteromorfismo sexual ZZ/ZW típico de *Triportheinae*. Esses dados sugerem que as populações não são diferenciadas e podem ser translocadas para repovoamento.