

ESTIMATIVA DA VARIABILIDADE GENÉTICA DA DOURADA *Brachyplatystoma rousseuxii* (PIMELODIDADE - SILURIFORMES) DO RIO MADEIRA NA AMAZÔNIA.

Bertucchi-Vogt, N.A.¹, Batista, J.S.², Formiga-Aquino K.³ & Alves-Gomes, J. A.⁴

¹ Bolsista/PIBIC/CNPQ; ² Orientadora/INPA; ³ Colaboradora/INPA; ⁴ Co-orientador/INPA.

A dourada, *Brachyplatystoma rousseuxii* (figura 01), pertence à Ordem Siluriformes, família Pimelodidae. É considerada a espécie mais comum do rio Madeira que utiliza este afluente para desovar, tendo destacada importância comercial.

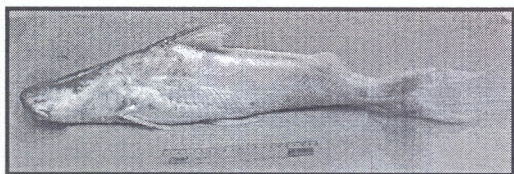


Figura 01 - Dourada - *Brachyplatystoma rousseuxii* (cortesia de Batista).

É um peixe migrador que utiliza em seu ciclo de vida três regiões geográficas diferentes: as cabeceiras - local de reprodução, o estuário - área de criação e o médio Amazonas - alimentação e

crescimento. (Barthem & Goulding, 1997). A caracterização e delimitação das populações são de fundamental importância para a elaboração de um plano de manejo, pois dados pesqueiros informam que o recurso já está em risco de sobrepesca (IBAMA, 1999). Diante deste cenário, este estudo propõe estimar e caracterizar a variabilidade genética da dourada do rio Madeira no intuito de se verificar como atualmente se encontra esta espécie, do ponto de vista genético, a fim de sugerir medidas de conservação e manejo. Tecido muscular de 46 indivíduos de *B. rousseuxii*, foi coletado junto à frota artesanal em desembarque pesqueiro na cidade de Porto Velho – RO no ano de 2003, armazenados em álcool 70% até o seu processamento no LTBM/INPA. A extração de DNA total, amplificação da região controle do DNA mitocondrial (PCR), purificação e sequenciamento dos indivíduos coletados foram realizados segundo protocolo descrito em Alves-Gomes *et al.*, (1995) e Batista (2001). As etapas de edição, conferência e compilação das seqüências nucleotídicas foram realizadas com o auxílio dos programas Bioedit 5.09 (Hall, 1999) e os índices estimadores de variabilidade genética (*HD*, *Pi*, *IVG*, *S*, *ETA*, *H*, *K*) e a distância genética não corrigida (“*p*”) com os programas Arlequin 2.0 (Schneider *et al.*, 2000) e DNAsp 4.0 (Rozas&Rozas, 1999). A tabela 01 mostra os índices de polimorfismo de DNA estimados. A média da distância genética foi de 0.89% ± 0.39 apresentando variação entre 0 e 1,87%. Resultados obtidos por Batista (2001), ao estudar a dourada das regiões de Belém, Manaus e Tabatinga, comparados aos resultados dos índices de polimorfismo de DNA e o IVG obtidos para a dourada do rio Madeira (tabela 01 e fig. 02), mostram que a variabilidade genética deste rio é menor de que a

de Belém e maior de que a de Manaus e Tabatinga (HD 0.973, IC 0.0065; Pi 0.0089, IC 0.0002; IVG 0.54, IC 0.0627).

Tabela 01 – Índices de polimorfismo de DNA estimados para os 46 indivíduos de dourada (*B. rousseauxii*) provenientes do rio Madeira. (N = N° de indivíduos; pb = N° de pares de bases seqüenciadas da região controle; H = N° de Haplotipos; HU = N° de Haplotipos Únicos; S = N° de Sítios polimórficos; ETA = N° total de mutações; HD = Diversidade Haplotípica; Pi = Diversidade nucleotídica; K = Média das diferenças nucleotídicas par a par e IVG = Índice de Variabilidade Genética).

N	pb	H	HU	S	ETA	HD	PI	K	IVG
46	911	32	25	44	TS 42 TV 4	0.973 ± 0.013	0.0089 ± 0.0006	8.137	0.54

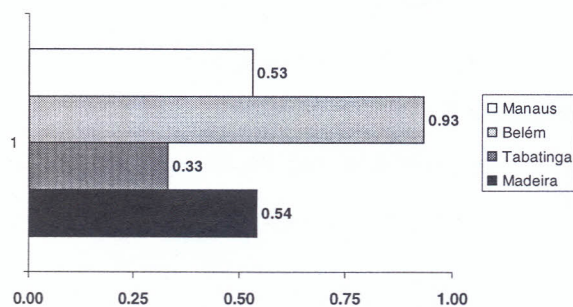


Figura 02 - IVG (Índice de Variabilidade Genética) de *B. rousseauxii* do rio Madeira comparados com o obtido por Batista (2001) de Belém, Manaus e Tabatinga.

Estes resultados corroboram, então, a hipótese sugerida por Batista (2001) de que o decréscimo da variabilidade genética, no sentido Estuário-Manaus, uma vez que o rio Madeira localiza-se entre essas duas regiões, ocorre em função de uma parcela relevante dos indivíduos de dourada migrar do estuário amazônico, rumo

às cabeceiras deste rio, para desovar e, assim, completar, o ciclo de vida, enquanto que a outra parcela segue a rota migratória em direção ao alto Solimões. Estes resultados são cruciais não só para subsidiar planos de manejo como também subsidiar projetos que visam à construção de hidrelétricas no rio Madeira e em outros afluentes do rio Amazonas/Solimões, ação está que pode ameaçar o ciclo de vida da dourada na Amazônia.

Alves-Gomes, J. A. 1995; Orti, G.; I-Jaygood, M.; Heiligenberg, W. and Meyer, A.. *Phylogenetic analysis of the soutil american electric fishes (order Gymnriotiformes) and the evolution of their electrogenic system: a synthesis based on morphology, electrophysiology, and mitochondrial sequence data. Molecular Biology And Evolution, 12(2): 298-316.*

Barthem, R.; Goulding, M. 1997. *Os bagres balizadores: Ecologia, Migração e Conservação de peixes amazônicos.* Sociedade Civil Mamirauá; CNPq, Brasília. 140p.

Batista, J. S. 2001. *Estimativa da Variabilidade intraespecífica da dourada B. flavicans (Castelnau, 1855) no eixo estuário, Amazonas-Solimões.* 1 16p. Dissertação (Mestrado) — Programa de Pós-Graduação em Biologia de Água Doce e Pesca Interior, BTRN/INPNIJA, Manaus, Amazonas, 2001.

Hall, T.A., 1999; BioEdit: a user friennldy biological sequence alignment editor and analysis program for windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series 41:95-98.*

IBAMA, 1999. *V Reunião do grupo permanente de estudos sobre a piramutaba: realizada em Belém de 26 a 29 de agosto de 1997/ Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais renováveis. Centro de pesquisa e Extensão Pesqueira do Norte do Brasil Ed. IBAMA Brasilia 92p.*

Rozas, J. and Rozas, R. 1999. DnaSP version 4.0: an integrated program for molecular population genetics and molecular evolution analysis. *Bioinformatics 15: 174-175.*

Schneider, S; Roessli, D.; Excoffier, L. 2000. Arlequin Version 2000: *A software for population genetic data analysis. Laboratório de genética e Diometria. Universidade de Geneva, Suíça. Adquirido de: http:// anthropologie. Unige. ch/arlequin.*