CARACTERIZAÇÃO DO GENE NADH-2 DO DNA MITOCONDRIAL DO CAÇÃO-FRANGO, RHIZOPRIONODON POROSUS, DO NORDESTE DO BRASIL

XXXVII Encontro de Iniciação Científica

Andreia dos Santos Campos, JOÃO EDUARDO PEREIRA DE FREITAS, KAIO LOPES DE LIMA, ROSANGELA PAULA TEIXEIRA LESSA, Vicente Vieira Faria

O cação-frango, Rhizoprionodon porosus, se distribui do Mar do Caribe ao Uruguai. É capturado pela pesca artesanal ao longo da costa brasileira e ocorre principalmente nas regiões Norte e Nordeste do país. Ao longo da sua faixa de distribuição, R. porosus é facilmente confundida com Rhizoprionodon lalandii, outra espécie de cação-frango. Uma possível estratégia de identificação destas espécies é o uso de marcadores moleculares. Um dos marcadores moleculares utilizados para identificação de tubarões e raias é o sequenciamento do gene mitocondrial NADH-2, que já tem sido utilizado para identificação de R. porosus. No entanto, existe uma lacuna de conhecimento sobre a variação genética deste gene em R. porosus da região nordeste do Brasil. Dentro desse contexto, o objetivo do presente estudo foi o de caracterizar o gene mitocondrial NADH-2 para espécimes de R. porosus amostrados na costa Nordeste do Brasil. Seis amostras de tecido muscular e cartilaginoso foram coletadas em três localidades do Nordeste. Estas foram amplificadas via PCR e sequenciadas para o gene NADH-2, obtendo-se sequências de 1.044 pb. As sequências obtidas foram editadas usando-se o software Geneious e checadas através de análises do tipo BLAST considerando-se 99% de similaridade para identificação molecular dos espécimes. Para a caracterização das sequências utilizou-se o software MEGA. As seis sequências obtidas foram comparadas com uma sequência de R. porosus já disponível no GenBank. No total, as sequências do nordeste diferiram da sequência referência por 11 substituições de base. Oito destas substituições eram do tipo Citosina/Timina. Apenas uma das mutações, do tipo Adenina/Timina, não foi silenciosa. Esta mudança está localizada em uma primeira posição de códon e ocasiona uma mudança de aminoácido do tipo Treonina/Serina. Os resultados de caracterização molecular serão apresentados em um contexto da aplicação do NADH-2 para estudos de identificação e também de estrutura populacional.

Palavras-chave: elasmobranchii. carcharhinidae. GenBank. MEGA.