



## ANÁLISE GENÉTICA DE ESPÉCIES DO GÊNERO *Hypostomus* sp DO RIBEIRÃO QUEÇABA – MARINGÁ/PR, ATRAVÉS DE MARCADORES MOLECULARES ISSR

Alignéia Aparecida de Souza Guedes<sup>1</sup>; Isabella Assis Alavarse Gonzales<sup>1</sup>;  
Alessandra Valéria de Oliveira<sup>2</sup>

**RESUMO:** Pertencendo à ordem dos Siluriformes, a família Loricariidae, apresenta mais de 600 espécies já descritas distribuídas em 70 gêneros e 7 subfamílias, sendo ela a segunda maior família de peixes neotropicais em número de espécies. Na subfamília Hypostominae existem ainda espécies não bem definidas, pois há grande variação tanto em sua morfologia como em seu padrão de coloração, como ocorre no gênero *Hypostomus* sp. Popularmente conhecidos como cascudos possuem ampla distribuição e diversidade biológica e são considerados animais de acentuada importância ambiental, uma vez que atuam como pré-mineralizadores da matéria orgânica antes que essa reingresse na cadeia alimentar. Nos tributários da região há mais de 16 espécies do gênero sem uma correta identificação, o que se torna pré-requisito fundamental para estudos ecológicos e para elaboração de estratégias de manejo para essas espécies. O objetivo deste trabalho é obter marcadores moleculares espécie-específicos que identifiquem diferentes espécies de peixes do gênero *Hypostomus* sp no Ribeirão Queçaba (afluente da Bacia do Rio Pirapó). Para captura dos exemplares a serem analisados, serão realizadas coletas bimestrais. Amostras de tecido muscular retiradas de cada indivíduo serão maceradas em nitrogênio líquido e homogeneizadas em tampão PS, tampão TH e proteinase K. Posteriormente, o DNA será purificado por extração com fenol/clorofórmio e clorofórmio, respectivamente, e precipitado com solução salina e etanol absoluto gelado. O pellet será ressuspensionado em tampão TE com RNase. Será feita quantificação através de eletroforese em gel de agarose, por meio de comparação com DNA de fago  $\lambda$  de concentração conhecida. Cada um dos indivíduos terá seu DNA submetido à amplificação em um termociclador, que será realizada via ISSR, com uso de um único primer com seqüências de microssatélites. Os primers ISSR (ou SPAR) com seqüências tetranucleotídicas constituem marcadores estáveis, mostrando serem eficientes na produção de padrões polimórficos informativos intraespecíficos e interespecíficos, uma vez que amplificam regiões que se encontram entre dois blocos de microssatélites. Depois de amplificados os fragmentos serão separados em gel de agarose corado com brometo de etídio. A visualização será feita em um transluminador sob luz UV. A análise será realizada pelo registro dos comprimentos, em pb, das bandas produzidas. Espera-se a obtenção de diferentes perfis eletroforéticos entre os espécimes analisados, o que possibilitará a identificação de espécies do gênero *Hypostomus* sp no Ribeirão Queçaba.

**PALAVRAS-CHAVE:** Cascudo; Loricariidae; SPAR.

<sup>1</sup>Discentes do Curso de Ciências Biológicas. Departamento de Ciências Biológicas do Centro Universitário de Maringá – Cesumar, Maringá – Paraná. Bolsista PROBIC. [aligneia@hotmail.com](mailto:aligneia@hotmail.com); [isabellagonzales@hotmail.com](mailto:isabellagonzales@hotmail.com)

<sup>2</sup>Docente do Curso de Ciências Biológicas. Departamento de Ciências Biológicas do Centro Universitário de Maringá – Cesumar, Maringá – Paraná. [alessoli@cesumar.br](mailto:alessoli@cesumar.br)