

Genética populacional da dourada – *Brachyplatystoma rousseauxii* (Pimelodidae – Siluriformes) na Amazônia Brasileira e Peruana

Jacqueline da Silva Batista¹, Carmen Rosa García Dávila², Tatiana Marão-Siqueira¹, Diana Castro Ruiz², Werner Chota Macuyama², Kyara Formiga-Aquino¹, José Antônio Alves-Gomes¹

¹Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia (INPA), Laboratório Temático de Biologia Molecular (LTBM/COPE), Av. André Araújo, 2239-Petrópolis. CEP 69060-001, Manaus-AM, Brasil
e-mail: jac@inpa.gov.br, marao@inpa.gov.br, formiga@inpa.gov.br, puraque@inpa.gov.br

²Instituto de investigaciones de la Amazonía Peruana (IIAP), Laboratorio de Biología Molecular y Biotecnología, Av. Abelardo Quiñones Km. 2.5, Iquitos, Perú
e-mail: cdavila@iiap.org.pe, dcastro@iiap.org.pe, wchota@iiap.org.pe

Palavras Chaves: Dourada, Amazonia, DNAMt, Região controle

Resumo

Foi seqüenciada a região controle (DNAMt) de 105 exemplares de dourada, oriundos de sete localidades da amazônia Continental: Belém, Manaus, Tabatinga, Rio Içá (Brasil) e Iquitos, Rio Ucayali e Rio Madre de Dios (Perú), a fim de estimar a variabilidade genética desta espécie de alto valor comercial. Os resultados mostram maior variabilidade em Belém e menor em Tabatinga. Políticas de manejo precisam ser elaboradas e executadas em conjunto com os países congregantes da área de migração da dourada.

Introdução

Os peixes lisos perfazem cerca de 95% da pescaria existente hoje na Amazônia brasileira, colombiana, peruana, boliviana e venezuelana sendo feita em cima de cinco espécies da Família Pimelodidae, e cerca de 80% deste total é obtido somente

pela captura de 03 grandes bagres entre os quais a Dourada (*Brachyplatystoma rousseauxii*) (Fig. 1).



Figura 1: Dourada – *Brachyplatystoma rousseauxii*.

A dourada é capturada pela frota comercial e artesanal desde a ilha de Marajó, (estuário amazônico, Brasil), até Pucallpa, (Peru) a aproximadamente 5 500 Km. a Oeste, próximo aos Andes peruanos.

Com base em dados biológicos e de pesca experimental (Barthem & Goulding, 1997) foi sugerida uma hipótese de ciclo de vida em que essa espécie realiza grandes migrações, tendo áreas distintas de criação, alimentação e reprodução.

Estudos genéticos (Batista, 2001) indicam que a variabilidade genética da dourada decresce no sentido estuário amazônico, (área de criação - Belém) alto Solimões (Próximo a área de reprodução - Tabatinga), corroborando a hipótese migratória nessa extensão geográfica.

Dada à área de abrangência de migração, à importância comercial e o esforço de pesca exercido sob este recurso há vários anos, torna-se necessário obter informações concretas a fim de balizar políticas de manejo e conservação, envolvendo todos os países que congregam tal área geográfica, a fim de assegurar a sustentabilidade desse recurso, pois dados pesqueiros informam que o mesmo já está em risco de sobrepesca (JICA/MPEG/IBAMA, 1998).

Neste cenário evidencia-se a necessidade de estudos no nível genético, no intuito de estimar a variabilidade genética da dourada visando à identificação e caracterização de seu estoque (s) pesqueiro (s) em toda a sua área de migração. Essas informações precisam também ser aliadas aos dados sócio-biológicos morfométricos, merísticos, sócio-econômicos e etc.

O presente estudo objetivou-se caracterizar geneticamente e estimar a variabilidade genética da dourada da Amazônia continental, um dos principais recursos pesqueiros em toda esta região. Estas informações são cruciais ao melhor entendimento do ciclo de vida, dinâmica de migração e caracterização de estoque (s) pesqueiro (s) da dourada na bacia Amazônica.

Metodologia

O tecido muscular de 105 exemplares de dourada foi coletado junto a desembarques pesqueiros em 7 localidades na Amazônia continental, sendo 15 indivíduos em cada Cidade: Belém (Calha/Baixo Solimões), Manaus (calha/médio Solimões), Tabatinga e Iquitos (calha/alto Solimões), Ipiranga (próximo a cabeceira do Rio Içá), Pucallpa (cabeceira do Rio Ucayali) e Porto Maldonado (cabeceira do Rio Madre de Dios).

O DNA total foi extraído seguindo o protocolo de Doyle & Doyle (1990), com algumas modificações, e a região controle do DNA mitocondrial (DNAm_t) amplificada e purificada segundo Batista (2001). O sequenciamento nucleotídico foi realizado em seqüenciador megaBACE 1000 (*GE Heath care – Amersham biosciences*) no LTBM/COPE/INPA seguindo as recomendações do fabricante. As seqüências nucleotídicas foram alinhadas, editadas e compiladas com o auxílio dos programas Bioedit 6.0.7 (Hall, 1999) e Chromas 2.23 (<http://www.technelysium.com.au/chromas.html>). As análises de variabilidade genética populacional, índices de diversidade molecular e fluxo gênico tais como: diversidade nucleotídica (Pi), número de haplotípos (H), diversidade haplotípica (HD), número total de mutações (ETA), número de sítios polimórficos (S) número de seqüências únicas (NS); distância genética média; índice de fluxo gênico (Nm) entre as localidades e AMOVA (análise de Variância Molecular) com o auxílio dos programas PAUP* 4.0 (Swofford, 2000), DNAsp 4.01 (Rozas & Rozas, 1999) e Arlequin 2.01 (Schneider *et al.*, 2000). Foi calculado também o índice de Confiança (IC) de 95% para os parâmetros de K, HD e Pi.

Resultados e discussão

A tabela 1 sumariza os valores obtidos para os índices de diversidade molecular; a Figura 2 uma representação gráfica comparativa entre as localidades amostradas considerando alguns índices de polimorfismo de DNA (H, S, ETAe K) e a tabela 2 os valores de *p* oriundos da AMOVA (diagonal inferior) e o número de migrantes (Nm) baseados nos valores de F_{ST} (diagonal superior) entre as localidades amostradas.

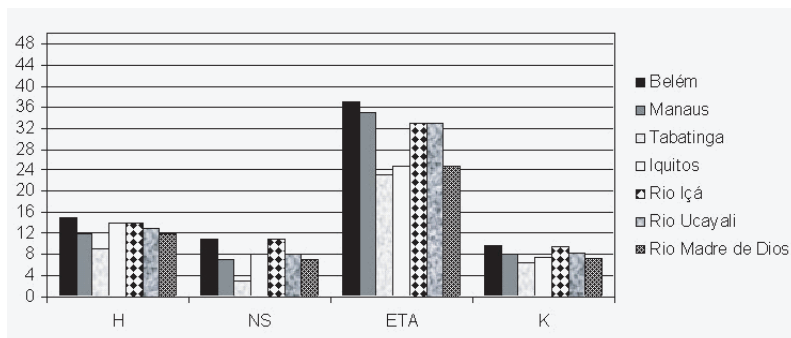


Figura 2. Histograma comparativo entre as localidades amostradas (Belém, Manaus, Tabatinga, Rio Içá, Iquitos, Rio Ucayali e Rio Madre de Dios) considerando os parâmetros de número de haplótipos (H), número de seqüências únicas (NS), número total de mutações (ETA) média das diferenças nuclotídicas par a par (K) para a dourada.

A interpretação compilada dos resultados fornece uma estimativa da variabilidade genética da dourada na Amazônia continental e as principais considerações são:

- 1) A maior variabilidade genética da dourada foi encontrada em Belém e a menor em Tabatinga. Este padrão deve ocorrer por Belém congrega os indivíduos oriundos das cabeceiras e Tabatinga por receber uma parcela da população migrante, já que uma parte da mesma já adentra aos tributários do Solimões/Amazonas durante o ciclo de vida. Porém este decréscimo precisa ser melhor avaliado já que o mesmo não se mantém em Iquitos;
- 2) 11 Haplótipos foram compartilhados entre algumas localidades. Os resultados da AMOVA mostram estrutura genética populacional entre os indivíduos de algumas localidades (ver em negritos os valores na tabela 2) ($F_{st} = 0,034$ $p > 0,01$), mostrando tendências a definir mais de um estoque, porém é necessário confirmar com um tamanho amostral maior;
- 3) A variabilidade genética encontrada nas cabeceiras dos rios amostrados (especialmente os valores de NS, tabela 1) pode demonstrar que estes locais

Tabela 1. Índices de diversidade molecular estimados a partir da sequência nucleotídica da região controle (DNAmt) dos 105 indivíduos de dourada provenientes das localidades Belém, Manaus, Tabatinga, Iquitos, Rio Içá, Rio Ucayali, Rio Madre de Dios. Os resultados em negrito indicam as diferenças significativas.

Localidades	H	NS	ETA	S	K	pi	HD
Belém	15	11	37	36	9,7714± 4,742 (12,172-7,372)	0,0107± 0,0058 (0,014-0,008)	1,000 ± 0,024 (1,012-0,988)
Manaus	12	7	35	33	8,048± 3,961 (10,053-6,043)	0,0088± 0,0049 (0,011-0,006)	0,962± 0,040 (0,982-0,942)
Tabatinga	9	3	23	22	6,543 ± 3,277 (8,201-4,885)	0,0072± 0,0040 (0,009-0,005)	0,886± 0,069 (0,921-0,851)
Iquitos	14	8	25	24	7,476 ± 3,701 (9,349-5,603)	0,0082± 0,0050 (0,011-0,006)	0,991± 0,028 (1,005-0,977)
Rio Içá	14	11	33	33	9,448 ± 4,596 (11,773-7,122)	0,0104± 0,0057 (0,013-0,008)	0,991± 0,028 (1,005-0,977)
Rio Ucayali	13	8	33	31	8,295± 4,073 (10,356-6,234)	0,0091± 0,0050 (0,012-0,007)	0,981± 0,031 (0,997-0,965)
Rio Madre de Dios	12	7	25	24	7,191 ± 3,572 (8,999-5,383)	0,0079± 0,0044 (0,010-0,006)	0,962± 0,040 (0,982-0,942)
Todos	66	55	82	80	8,381 ± 3,911 (9,129-7,633)	0,0092±0,004 (0,010-0,008)	0,976± 0,006 (0,977-0,975)

Tabela 2. Valores de *p* para as comparações realizadas na AMOVA (diagonal inferior) e número de migrantes (Nm) (diagonal superior) entre as localidades amostradas. (Inf) indica um alto valor de Nm. Os valores em negrito são significativos pela correção de Bonferroni.

	Belém	Manaus	Tabatinga	Iquitos	Rio Içá	Rio Ucayali	Rio Madre de Dios
Belém	*	3,7	3,5	inf	15,7	6,6	14
Manaus	0,0010	*	inf	4,8	15	59,6	8,7
Tabatinga	0,0069	0,6466	*	3,9	inf	inf	48,2
Iquitos	0,7253	0,0063	0,0083	*	11,5	7,5	23,6
Rio Içá	0,1593	0,1461	0,4853	0,1088	*	202,5	inf
Rio Ucayali	0,0245	0,3104	0,6684	0,0403	0,3478	*	inf
Rio Madre de Dios	0,1217	0,0615	0,3160	0,2241	0,5018	0,6979	*

possam deter uma relevante parcela do (s) estoque (s) pesqueiro (s) total da espécie, provavelmente por se tratar de áreas de reprodução, devendo ser tratadas com atenção em estratégias de manejo;

4) Políticas de manejo e conservação precisam ser elaboradas e executadas em conjunto com os países que congregam a área de migração da dourada a fim de garantir o uso sustentável desse recurso às populações futuras.

Agradecimentos

A todo o grupo PIRADA – LTBM/COPE/INPA, à Dra. Izeni Farias, ao Dr. Tomas Hrbek e ao apoio financiamento do IIAP, INPA (PPI 1-3550), IFS e FAPEAM.

Referências

- Batista, J. S. 2001. Estimativa da variabilidade intraespecífica da dourada (*Brachyplatystoma flavicans*) (Castelnau, 1855) no eixo estuário, Amazonas-Solimões. Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós-Graduação em Biologia de Água Doce e Pesca Interior, BTRN/INPA/UA, Manaus, Amazonas. 116p.
- Barthem, R. B.; Goulding, M. 1997. Os bagres balizadores: Ecologia, Migração e Conservação de peixes amazônicos. Brasília: Sociedade Civil Mamirauá, CNPq.
- Doyle, J. J.; Doyle, J. L. 1990. Isolation of plants DNA from fresh tissue. *Focus*, 12:13-15p.
- Hall, T. A. 1999. *Bioedit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for windows 95/98/NT*. Version 6.0.7
- JICA/MPEG/IBAMA. 1998. Relatório Técnico: The fishery resources study of the Amazon and Tocantins river mouth areas in the Federative Republic of Brazil.
- Rozas, J.; Rozas, R. 1999. DnaSP version 4: an integrated program for molecular population genetics and molecular evolution analysis. *Bioinformatics*, 15: 174-175.
- Schneider, S.; Roessli, D.; Excoffier, L. 2000. Arlequin Version 2.000: A software for population genetic data analysis. Laboratório de genética e biometria. Universidade de Geneva, Suíça. Adquirido de: <http://anthropologie.unige.ch/arlequin>.
- Swofford, D. L. 2001. PAUP: Phylogenetic Analysis using parsimony, version 4.0. Illinois Natural History Survey, Champaign.