



XXIX CONGRESSO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA (CIC)
2019

UACSA, UAST, UFAPE, CODAI e UEADTEC
Universidade Federal Rural de Pernambuco
Pró-Reitoria de Pesquisa e Pós-Graduação
Coordenação de Programas Especiais



DIVERSIDADE GENÉTICA DE *Hippocampus patagonicus*

Gustavo Henrique de Oliveira¹, Jaiane da Silva Nascimento², Rosana Beatriz Silveira³, Alan Felipe Ferreira⁴,
Ana Cristina Lauer Garcia⁵, Martín Alejandro Montes⁶
E-mail: gustavotecifpe@gmail.com

1 Bolsista PIBIC

2 Programa de Pós-Graduação em Ecologia (PPGE)

3 Instituto Hippocampus, Porto de Galinhas – PE

4 Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas (PPGCB)

5 Centro Acadêmico de Vitória (UFPE-CAV)

6 Departamento de Biologia (UFRPE-SEDE)

As populações de *Hippocampus patagonicus*, assim como a maioria dos cavalos-marinhos, estão ameaçadas devido à sobre-exploração e a degradação de seus habitats. Como resultado destas pressões antrópicas, quase todas as espécies destes peixes estão listadas como vulneráveis pela *International Union for Conservation of Nature* (IUCN). Marcadores moleculares, podem ajudar a entender o cenário atual de espécies ameaçadas, permitindo a compreensão de padrões de perda de diversidade genética e capacidade evolutiva dos organismos. A Baía da Ilha Grande é considerada um santuário de biodiversidade, situado entre uma das duas maiores metrópoles da América do Sul, Rio de Janeiro e São Paulo. Nesta localidade, amostras de *H. patagônicos* foram obtidas a partir de espécimes capturados na pesca de camarão por rede de arrasto. Dos exemplares obtidos foi realizada a extração de DNA, e posterior amplificação com marcadores moleculares do gene Citocromo c Oxidase subunidade 1 (COI). Foi possível identificar 30 sequências haplotípicas para a população de *H. patagonicus* amostrada na Baía de Ilha Grande. Dez sequências de *H. patagonicus* provenientes do Rio Grande do Sul e Argentina depositadas no GenBank foram também comparadas com as de nosso estudo. A partir das sequências obtidas, foi verificada alta variabilidade genética intrapopulacional para as amostras do Rio de Janeiro. A análise de similaridade com *Neighbor-joining* separou as populações em dois grupos, um compreendendo a população de Baía de Ilha Grande e o outro unindo as populações do Rio Grande do Sul e da Argentina. A análise de AMOVA revelou alta estruturação populacional ($F_{st}=48.68$), separando as amostras do Rio de Janeiro daquelas do estado do Rio Grande do Sul e da Argentina. Nossos resultados fornecem informações adicionais sobre a diversidade genética em cavalos-marinhos, contribuindo para o conhecimento das populações de *H. patagonicus*, uma vez que acrescenta novos haplótipos para esta espécie e informações úteis na elaboração de estratégias de manejo visando a conservação marinha.

Palavras-chave: Biologia da Conservação, Citocromo c Oxidase Subunidade 1, Rio de Janeiro.

Área do Conhecimento: Ciências Biológicas.

Realização:



Apoio:

