

MÉTODO GENÉTICO DE RASTREAMENTO DE ESPÉCIES

Adriana Heloísa Pereira*

Laboratório de Biotecnologia e Marcadores Moleculares, Pós-Graduação em Genética, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil

Sandra Ludwig

Laboratório de Biotecnologia e Marcadores Moleculares, Pós-Graduação em Genética, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil

Juliana da Silva Martins Pimentel

Laboratório de Biotecnologia e Marcadores Moleculares, Pós-Graduação em Genética, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil

Nazaré Lucio de Abreu

Laboratório de Biotecnologia e Marcadores Moleculares, Pós-Graduação em Genética, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil

Evanguedes Kalapothakis

Laboratório de Biotecnologia e Marcadores Moleculares, Pós-Graduação em Genética, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil

USING GENETICS TO TRACE SPECIES

RESUMO

Conhecido popularmente como Curimba, o *Prochilodus costatus* (Valenciennes, 1850) é um importante peixe migrador da Bacia do Rio São Francisco, que além de desempenhar um importante papel em seu ecossistema, é densamente utilizado na pesca e comercialização na região². Sendo assim, ferramentas moleculares capazes de identificar a espécie, rastrear a origem da pesca (ou restos) é fundamental para a Biologia Forense. Através do Sequenciamento de Nova Geração (NGS), as amostras são identificadas por meio da indexação e recebem um código único, permitindo diferenciar os indivíduos mesmo com a utilização de diversos marcadores moleculares. Os marcadores microssatélites são altamente polimórficos devido à variação no número de repetições de sua sequência, têm sido muito utilizados devido a sua alta cobertura no genoma, alto conteúdo de informação e facilidade de genotipagem em larga escala e, ainda, possibilitam a distinção entre indivíduos proximoamente relacionados¹. Esse código único é utilizado pelas ferramentas de bioinformática traçando o genótipo de cada espécime e, conseqüentemente, seu perfil genético. Em nosso trabalho, utilizamos 8 *loci* de microssatélites para traçar o perfil genético de espécimes de *P. costatus* no Alto do Rio São Francisco e rastrear a origem de cada um com sua respectiva população. Análises de bioinformática são realizadas para tratar as *reads* obtidas por NGS a fim de eliminar as sequências de baixa qualidade, detectar as variantes e obter um genótipo *multiloci* para cada indivíduo e para cada população. Dentre os quatro perfis genéticos identificados, as populações do Rio Paraopeba se mostraram significativamente distintas das demais, pois apresentaram um único genótipo que está amplamente distribuído. Dessa forma, espécimes de *P. costatus* podem ser diferenciadas das demais regiões do Alto Rio São Francisco. Esse método molecular de rastreabilidade da origem de espécimes se mostrou altamente eficiente e poderá ser aplicado para outras espécies, inclusive em espécies vítimas do tráfico.

PALAVRAS-CHAVE: Ambiente R. Rastreabilidade. Perfil genético.

* adriana.heloisap@gmail.com