

Citogenética comparativa de três populações de *Bryconamericus aff. iheringii* (Boulenger, 1887) (Characidae, Stevardiinae)

Prestes, A. B.¹; Nardelli, A.²; Paiz, L.M.²; Gavazzoni, M.¹; Lui, R.L.²;
Moresco, R.M.²; Konerat, J.T.²; Margarido, V.P.^{1,2}

Abstract/Resumo

Bryconamericus é um dos gêneros mais numerosos de Characidae, com cerca de 60 espécies de porte reduzido, popularmente conhecidas como “lambaris”, e ampla diversidade nas drenagens atlânticas do continente americano. Apesar do elevado número de espécies, poucas foram estudadas citogeneticamente. Estudos citogenéticos em populações de *Bryconamericus aff. iheringii* dos rios Ijuí (Alto rio Uruguai), Piquiri (Alto rio Paraná) e Iguaçu (baixo rio Paraná) revelaram $2n=52$ cromossomos, sem diferenciação de cromossomos sexuais e com variação interpopulacional de fórmulas cariotípicas. Heterocromatinas foram evidenciadas na região centromérica da maioria dos cromossomos e telomérica em alguns pares, os quais diferiram entre as populações. Diferente das outras populações, *B. aff. iheringii* do rio Iguaçu apresentou ainda heterocromatinas na região intersticial do braço longo do par de cromossomos subtelocêntricos 15. As AgRONS mostraram-se simples para a população do rio Iguaçu, e múltiplas para as demais, sendo observados dois padrões na população do rio Ijuí. A 18S rDNA-FISH corroborou os resultados obtidos pela impregnação por prata nas populações dos rios Ijuí e Iguaçu, e evidenciou cístrons extras na população do rio Piquiri. A 5S rDNA-FISH evidenciou cístrons simples no segundo padrão da população do rio Ijuí e na população do rio Iguaçu, e múltiplos para o primeiro padrão da população do rio Ijuí e para a população do rio Piquiri. Nas populações dos rios Ijuí e Piquiri foram encontrados cístrons 5S e 18S em sintenia, variando em número e nos pares portadores. A amplificação do DNA e posterior eletroforese em gel de agarose realizada em indivíduos dos rios Ijuí e Piquiri, revelou para ambas as populações um fragmento em torno de 230pb correspondente aos genes de 5S rDNA, e outro por volta de 400pb, o qual corresponde a variantes do 5S rDNA, devido possivelmente a inserções nos espaçadores não transcritos (sequências NTS). Apesar de apresentarem número diploide e padrão de distribuição de heterocromatina característico do gênero, a fórmula cariotípica, o número de RONS e a localização dos cístrons dos genes ribossomais mostraram-se importantes marcadores populacionais.

Apoio: CNPq, CAPES, Fundação Araucária

Keyword/Palavras-chave: 5S rDNA; Inserções; NTS; Sintenia

1 Universidade Estadual de Maringá, Maringá - PR, anahie94@gmail.com

2 Universidade Estadual do Oeste do Paraná, Cascavel - PR