

## Diferenciação cromossômica e molecular no complexo *Rhamdia quelen* (Siluriformes, Heptapteridae) evidenciado pelo mapeamento físico de genes ribossomais, de RNAsn U2 e DNA barcoding

Uso, M.C.<sup>1</sup>; Santos, A.R.<sup>1</sup>; Gouveia, J.G.<sup>1</sup>; Silva, W.F.<sup>1</sup>;  
Araya-Jaime, C.<sup>2</sup>; Foresti, F.<sup>2</sup>; Caetano, L.G.<sup>1</sup>; Dias, A.L.<sup>1</sup>

### Abstract/Resumo

Análises de sequências de DNAs repetitivos proporcionam uma caracterização cromossômica mais apurada, auxiliando na compreensão de problemas taxonômicos e filogenéticos. *Rhamdia quelen* é considerada um complexo de espécies e, apesar de ser a espécie mais estudada dentro de Heptapteridae, pouco se sabe sobre sequências de DNA repetitivo no grupo. Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi realizar uma análise citogenética comparativa entre seis populações de *R. quelen*. Foi confirmado o número diplóide igual 58, com variação nas fórmulas cariotípicas sendo: 40m+10sm+4st+4a e número fundamental (NF) igual 112, para a população do rio Quexada/PR; 40m+12sm+6st (NF=116) para exemplares do Ribeirão do Penacho/PR; 34m+16sm+8st (NF=116) para rio Miranda/MS e 32m+8sm+18st (NF=116) para a população do rio Cambé. A região organizadora de nucléolos (AgRONS) foi evidenciada na região terminal de um cromossomo submetacêntrico, nas quatro populações de *R. quelen*, sendo coincidente com a coloração pelo fluorocromo CMA3. A população do rio Quexada apresentou um heteromorfismo de tamanho das AgRONS entre os cromossomos homólogos. O mapeamento cromossômico de genes ribossomais 18S e 5S, e de U2 DNAsn foi realizado nas quatro populações citadas de *R. quelen*, mais as do rio Taquari e do ribeirão Lindóia, ambas do estado do Paraná. A distribuição dos genes de DNAr 18S confirmou o padrão simples da RON, em todas as populações, estando co-localizados com alguns sítios de U2 DNAsn. Os resultados mostraram uma variação das sequências de DNAs repetitivos na população do rio Miranda em comparação com as demais populações. Apenas os indivíduos desta localidade apresentaram um único par portador da sequência de U2 DNAsn, assim como foi a única população a mostrar um padrão múltiplo de distribuição do DNAr 5S. Esta heterogeneidade da população do rio Miranda em relação às demais populações de *R. quelen*, foi confirmada pela análise da sequência que codifica a subunidade I da enzima citocromo oxidase C, mostrando uma diferenciação em relação à população do rio Quexada. Os dados revelam uma variação interpopulacional na microestrutura cromossômica da espécie nunca antes evidenciada, caracterizando essas famílias de DNA repetitivos como importantes ferramentas em estudos filogenéticos e taxonômicos.

Keyword/Palavras-chave: Complexo de espécies; Família multigênica; FISH

1 Departamento de Biologia Geral, CCB, Universidade Estadual de Londrina, Rodovia Celso Garcia Cid, PR 445, Km 380, Londrina, Paraná, Brasil, [MarianaUsso@hotmail.com](mailto:MarianaUsso@hotmail.com)

2 Departamento de Morfologia, Instituto de Biociências, Universidade Estadual Paulista, Distrito de Rubião Junior, Botucatu, SP, Brasil