



ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE BIJUPIRÁ (*Rachycentron canadum*) A PARTIR DE MARCADORES MICROSSATÉLITES.

ALCEBÍADES R. NEPOMUCENO¹; DANIELLE A. DE FARIA²; LILLIAN C. G. CAVALCANTI³; GLEISON R. DE BIAZIO⁴; NAIARA M. A. DA SILVA⁴; EDUARDO G. SANCHES⁵; PAULO C. F. CARNEIRO⁶; ALEXANDRE N. MARIA⁶; IRANI A. F. BRAVO⁷; FABIOLA H. .S. FOGAÇA⁷; CONCEPTA McMANUS³; ALEXANDRE R. CAETANO²; SAMUEL R. PAIVA².

¹Bolsista DTI-CNPq, INCT - Pecuária Brasileira, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Email: alcebiades.rna@hotmail.com;

²EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF;

³Pós Graduação Ciências Animais, UnB, Brasília, DF

⁴Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF.

⁵Núcleo de Pesquisa do Litoral Norte, Instituto de Pesca/SP, Ubatuba, SP;

⁶Pesquisador - Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracaju, SE ;

⁷ Embrapa Meio-Norte, Teresina, PI;

Resumo: O presente trabalho teve como objetivo analisar a estruturação genética de populações de cobia (*Rachycentron canadum*) a partir de 93 amostras de DNA de espécimes selvagens (BA, CE e PI) e de cativeiro (SP e PE), distribuídas entre cinco estados brasileiros a partir de 20 locos de microsatélites. A análise de variância molecular (AMOVA) indicou uma moderada diversidade genética (F_{st} : 6,2%) entre as populações. Apesar da divergência genética observada o software *Structure* indicou a existência de dois *pools gênicos*, sendo um formado por animais de cativeiro e o outro por animais selvagens. A heterozigosidade esperada (H_e) média foi de 0,615 e a heterozigosidade observada (H_o) média foi de 0,557. Adicionalmente, foi observada uma moderada taxa de endogamia (f : 0,0944). Estes resultados em conjunto com os dados obtidos por mtDNA, serão usados para estruturar um Banco de germoplasma da espécie bem como futuros programas de conservação e melhoramento.

Palavra-chave: Cobia; microsatélites