



ANÁLISE FILOGEOGRÁFICA DE POPULAÇÕES SELVAGENS E EM CATIVEIRO DO BIJUPIRÁ (*Rachycentron canadum*) NA COSTA BRASILEIRA.

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 o objetivo analisar a diversidade genética de 96 amostras de DNA do cobia (*Rachycentron canadum*) entre espécimes selvagens (BA, CE e PI) e de cativeiro (SP e PE), distribuídas entre cinco estados brasileiros, de forma a subsidiar a criação dos futuros programas de melhoramento e conservação do cobia no país. Foram sequenciadas e analisadas 684pb do gene mitocondrial ATP6. Foram identificados três sítios variáveis que formaram o mesmo número de haplótipos com uma diversidade haplotípica de 0,1836. Em uma análise comparativa com 15 sequências retiradas do GeneBank (NCBI), para um fragmento com 437 nucleotídeos (N= 111 animais), foi observado a existência de seis sítios variáveis que formaram oito haplótipos. Apenas três foram observados na costa brasileira, indicando um fraco sinal filogeográfico. A análise de Network demonstrou que os animais coletados no estado da Bahia são os mais distintos entre os demais da costa brasileira.

Palavra-chave: Cobia, ATP6, mtDNA