

# Análise Preliminar do Perfil Genético da Ictiofauna das Regiões Afetadas pelo Projeto de Integração do Rio São Francisco com Bacias Hidrográficas do Nordeste Setentrional

Ichthofauna Genetic Profile  
Preliminary Analysis of the  
Regions Affected by Project for  
Integration of São Francisco River  
with the Basins of Septentrional  
Northeastern

---

*Clebiano Costa-Sá<sup>1</sup>, Alan dos Santos<sup>2</sup>, Amanda Luiza Costa Pereira<sup>2</sup>, Michely Correia Diniz<sup>3</sup>*

## Resumo

O Rio São Francisco é um dos principais rios do Brasil, no entanto, pouco se conhece sobre a taxonomia, relações filogenéticas e biogeografia de sua biota. Sua ictiofauna possui elevado endemismo, estando sujeita a possíveis impactos do Projeto de Integração do Rio São Francisco com Bacias do Nordeste Setentrional (PISF). Este trabalho objetivou realizar uma busca *in silico* de genes alvos potenciais para estimar relações filogenéticas entre as espécies de peixes do Rio São Francisco, a fim de subsidiar as atividades *in vitro* para conhecimento do perfil genético da ictiofauna das regiões impactadas. Sequências nucleotídicas foram pesquisadas para 152

<sup>1</sup> Bolsista FACEPE, Universidade Federal do Vale do São Francisco (Univasf), Petrolina, PE.

<sup>2</sup> Estudante de Ciências Biológicas – Univasf, Petrolina, PE.

<sup>3</sup> Bióloga, D.Sc. em Biotecnologia, professora do Curso de Ciências Biológicas, Univasf, Petrolina, PE, michely.diniz@univasf.edu.br.

espécies da ictiofauna. Além disso, topologias de espécies endêmicas pertencentes à família Characidae foram inferidas no *software* MEGA 5.0 com os métodos *Maximum Likelihood* (ML) e *Neighbor-joining* (NJ). As buscas resultaram num total de 2008 sequências, sendo que 68 espécies não apresentaram dados genômicos registrados. As topologias diferiram apenas ao relacionar *Roebooides xenodon* em diferentes clados, sendo a árvore gerada com NJ a que mais corroborou com inferências descritas na literatura. Esses resultados preliminares intensificam a necessidade da caracterização genética das populações a serem impactadas, servindo também de subsídios para comparações futuras com as espécies oriundas das bacias.

**Palavras-chave:** peixes neotropicais, relações filogenéticas, Rio São Francisco.

## Introdução

O Rio São Francisco é um dos principais rios brasileiros localizados em uma área habitada por aproximadamente 13 milhões de pessoas (CAPPIO et al., 1995) e o seu vale é uma região agraciada pela biota Caatinga, rica em diversidade florística e faunística. Entretanto, o conhecimento sobre a taxonomia, relações filogenéticas, biogeografia, autoecologia e inter-relações dos parâmetros bióticos e abióticos de grande parte das espécies da região afetada pelo Projeto de Integração do Rio São Francisco com Bacias do Nordeste Setentrional (PISF) é incipiente (BRASIL, 2005).

O PISF pode apresentar possíveis impactos sobre a biota aquática comprometendo o conhecimento da história biogeográfica dos grupos biológicos aquáticos nativos. Portanto, no subprograma de monitoramento da ictiofauna, exige-se a caracterização quali-quantitativa das populações de peixes das bacias receptoras e a criação de um banco genético dessas populações, priorizando as espécies endêmicas, ameaçadas de extinção, raras, vulneráveis e ainda não descritas.

Sabe-se que a ictiofauna brasileira, com cerca de 2.600 espécies, é a mais rica do mundo, podendo haver muitas espécies ainda não descritas (BUCKUP et al., 2007). Para a bacia hidrográfica do Rio São Francisco, são registradas cerca de 250 espécies, das quais 212 são nativas com elevado grau de endemismo, sendo que, muitas espécies alóctones de outras bacias hidrográficas brasileiras e mesmo de outros países foram introduzidas (BARBOSA; SOARES, 2009).

É importante conhecer a estruturação genética dessas populações de peixes neotropicais a fim de servir como base para o estabelecimento de políticas de proteção a esses recursos. É essencial o uso de bancos de dados genéticos no desenvolvimento de atividades *in vitro* ou na análise de dados *in silico*. A partir da obtenção de sequências nucleotídicas de organismos próximos, é possível criar iniciadores específicos para espécies com ausência de informações genômicas, inferir topologias de espécies difíceis de relacionar, identificar espécies ainda não descritas, além de permitir análises de variabilidade genética entre diferentes bacias hidrográficas. Este trabalho teve como objetivo realizar uma busca *in silico* de genes alvos potenciais para estimar relações filogenéticas entre as espécies de peixes do Rio São Francisco, a fim de subsidiar as atividades *in vitro* para conhecimento do perfil genético da ictiofauna das regiões afetadas pelo PISF.

## Material e Métodos

As atividades foram desenvolvidas no Laboratório de Bioinformática no Núcleo de Ecologia Molecular do Projeto Centro de Conservação e Manejo de Fauna da Caatinga (CEMA/FAUNA), localizado no Campus Ciências Agrárias da Universidade Federal do Vale do São Francisco, Petrolina, PE, no período de março a junho de 2012.

As sequências nucleotídicas das espécies da ictiofauna da bacia hidrográfica do Rio São Francisco foram recuperadas por meio do *National Center for Biotechnology* (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). Das 244 espécies ocorrentes nessa bacia, até o presente momento, foram trabalhadas 152 espécies, em que as sequências disponíveis foram arquivadas com o número de identificação da espécie (GI), o tipo de sequência, espécie e a família.

Topologias foram inferidas, a partir de sequências do gene *cytochrome oxidase subunit I* (COI), com o software MEGA 5.0, para as quais utilizaram-se as espécies endêmicas da bacia hidrográfica do Rio São Francisco *Pygocentrus piraya* (Cuvier, 1820), *Triporthus guentheri* (Garman, 1890), *Brycon orthotaenia* (Günther, 1864), *Phenacogaster franciscoensis* (Eigenmann, 1911), *Bryconops affinis* (Günther, 1864), *Tetragonopterus chalceus* (Agassiz 1829), *Roeboides xenodon* (Reinhardt, 1851), *Orthospinus franciscensis* (Eigenmann, 1914) e *Hasemania nana* (Lütken, 1875), pertencentes à família Characidae.

As sequências foram salvas em formato FASTA, alinhadas com a ferramenta *Clustal W*, disponível no *software* BioEdit 5.0. As topologias resultaram dos métodos *Neighbor-Joining* (NJ) e *Maximum Likelihood* (ML), apoiadas por *bootstrap* 1000 repetições. Para ML, o modelo considerado mais adequado pelo *Best model* foi o de *General Time Reversible* (GTR), que considera a frequência de bases e a taxa de substituição (RODRIGUEZ et al., 1990).

## Resultados e Discussão

A sistematização das informações obtidas até o presente momento pode ser vista nas Figuras 1 e 2, em que foi gerado um banco de dados com 2008 sequências, sendo que das 152 espécies estudadas, 68 não possuíam dados genômicos registrados.

Ambas as árvores geradas com os métodos *Maximum Likelihood* e *Neighbor-joining* diferiram apenas no agrupamento de *R. xenodon*, que em ML está relacionada com o agrupamento de *H. nana* e *O. franciscensis* fracamente sustentada, enquanto, em NJ está relacionada com *T. chalceus* sustentada fortemente (Figuras 3 e 4), assim como, em Pereira (2010), que também coloca *Roeboides* mais proximamente relacionado a *Tetragonopterus*.

As topologias corroboraram com outras inferências filogenéticas ao relacionar *Brycon* a *Triportheus* e colocá-los num clado distinto de *Phenacogaster*, mas divergiram em *Phenacogaster* e *Bryconops* por estarem em clados diferentes (PEREIRA, 2010).



Figura 1. Percentual de sequências por espécies mais encontradas.



Figura 2. Percentual de sequências por genes mais encontrados.

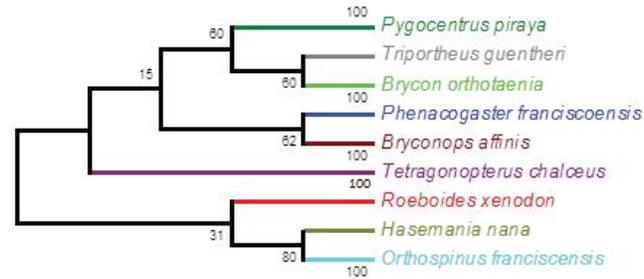


Figura 3. Topologia compactada resultante do método Maximum Likelihood, utilizando o modelo de General Time Reversible, a partir de sequências do gene COI. Bootstrap 1000.

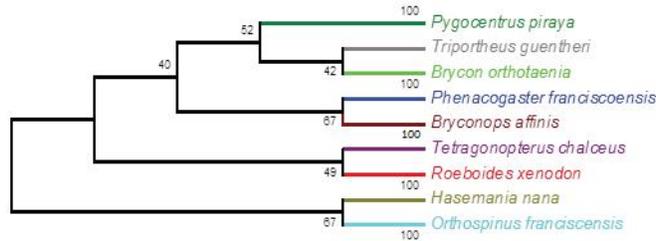


Figura 4. Topologia compactada resultante do método Neighbor-joining, utilizando distância p, a partir de sequências do gene COI. Bootstrap 1000.

## Conclusão

Muitas espécies da bacia hidrográfica do Rio São Francisco ainda não apresentam sequências genômicas registradas nos bancos de dados públicos, o que intensifica a necessidade da caracterização genética das populações a serem impactadas com o PISF. Além disso, os métodos de inferências topológicas utilizados com as sequências disponíveis diferiram pouco, podendo essas inferências filogenéticas serem adequadas, servindo também de subsídios para comparações futuras com as espécies oriundas das bacias.

## Agradecimentos

À FACEPE, pelo incentivo da bolsa e pela parceria com a Embrapa, que possibilitou a apresentação deste trabalho em Petrolina; e ao Ministério da Integração, pelo suporte financeiro às atividades desenvolvidas no Centro de Conservação e Manejo de Fauna da Caatinga – CEMA/FAUNA.

## Referências

- BARBOSA, J. M.; SOARES, M. C. Perfil da ictiofauna da bacia do São Francisco: estudo preliminar. **Revista Brasileira Engenharia de Pesca**, [Recife], v. 4, n. 1, p. 155-172, jan. 2009.
- BRASIL. Ministério da Integração nacional. **Projeto básico ambiental (PBA): projeto de integração do Rio São Francisco com bacias hidrográficas do Nordeste Setentrional**. Brasília, DF, 2005.
- BUCKUP P. A.; MENEZES, N. A.; GHAZZI, M. S. **Catálogo das espécies de peixes de água doce do Brasil**. Rio de Janeiro: Museu Nacional, 2007.
- CAPPIO, L. F.; MARTINS, A.; KIRCHNER, R. **O Rio São Francisco**. Petrópolis: Editora Vozes, 1995. 110 p.
- PEREIRA, T. N. A. **Filogenia das espécies de *Deuterodon* Eigenmann, 1907 (Characiformes: Characidae), um gênero de lambaris da Mata Atlântica**. 2010. 217 f. Tese (Mestrado) – Universidade Estadual Paulista, Instituto de Biociências, Botucatu.
- RODRIGUEZ, F.; OLIVER, J. L.; MARIN, A.; MEDINA, J. R. The general stochastic model of nucleotide substitution. **Journal Theoretical Biology**, [Amsterdam], n. 142, p. 485-501, 1990.