

Benedito Rodrigues da Silva Neto
(Organizador)



**Conceitos
Básicos da
Genética**

Atena
Editora
Ano 2019

Benedito Rodrigues da Silva Neto

(Organizador)

Conceitos Básicos da Genética

Atena Editora

2019

2019 by Atena Editora
Copyright © Atena Editora
Copyright do Texto © 2019 Os Autores
Copyright da Edição © 2019 Atena Editora
Editora Executiva: Profª Drª Antonella Carvalho de Oliveira
Diagramação: Geraldo Alves
Edição de Arte: Lorena Prestes
Revisão: Os Autores

O conteúdo dos artigos e seus dados em sua forma, correção e confiabilidade são de responsabilidade exclusiva dos autores. Permitido o download da obra e o compartilhamento desde que sejam atribuídos créditos aos autores, mas sem a possibilidade de alterá-la de nenhuma forma ou utilizá-la para fins comerciais.

Conselho Editorial

Ciências Humanas e Sociais Aplicadas

Prof. Dr. Álvaro Augusto de Borba Barreto – Universidade Federal de Pelotas
Prof. Dr. Antonio Carlos Frasson – Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Prof. Dr. Antonio Isidro-Filho – Universidade de Brasília
Prof. Dr. Constantino Ribeiro de Oliveira Junior – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Profª Drª Cristina Gaio – Universidade de Lisboa
Prof. Dr. Deyvison de Lima Oliveira – Universidade Federal de Rondônia
Prof. Dr. Gilmei Fleck – Universidade Estadual do Oeste do Paraná
Profª Drª Ivone Goulart Lopes – Istituto Internazionele delle Figlie de Maria Ausiliatrice
Prof. Dr. Julio Candido de Meirelles Junior – Universidade Federal Fluminense
Profª Drª Lina Maria Gonçalves – Universidade Federal do Tocantins
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Profª Drª Paola Andressa Scortegagna – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Prof. Dr. Urandi João Rodrigues Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará
Profª Drª Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande
Prof. Dr. Willian Douglas Guilherme – Universidade Federal do Tocantins

Ciências Agrárias e Multidisciplinar

Prof. Dr. Alan Mario Zuffo – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul
Prof. Dr. Alexandre Igor Azevedo Pereira – Instituto Federal Goiano
Profª Drª Daiane Garabeli Trojan – Universidade Norte do Paraná
Prof. Dr. Darllan Collins da Cunha e Silva – Universidade Estadual Paulista
Prof. Dr. Fábio Steiner – Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul
Profª Drª Girlene Santos de Souza – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia
Prof. Dr. Jorge González Aguilera – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul
Prof. Dr. Ronilson Freitas de Souza – Universidade do Estado do Pará
Prof. Dr. Valdemar Antonio Paffaro Junior – Universidade Federal de Alfenas

Ciências Biológicas e da Saúde

Prof. Dr. Benedito Rodrigues da Silva Neto – Universidade Federal de Goiás
Prof.ª Dr.ª Elane Schwinden Prudêncio – Universidade Federal de Santa Catarina
Prof. Dr. Gianfábio Pimentel Franco – Universidade Federal de Santa Maria
Prof. Dr. José Max Barbosa de Oliveira Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará

Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Profª Drª Raissa Rachel Salustriano da Silva Matos – Universidade Federal do Maranhão
Profª Drª Vanessa Lima Gonçalves – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Profª Drª Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande

Ciências Exatas e da Terra e Engenharias

Prof. Dr. Adélio Alcino Sampaio Castro Machado – Universidade do Porto
Prof. Dr. Eloi Rufato Junior – Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Prof. Dr. Fabrício Menezes Ramos – Instituto Federal do Pará
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Prof. Dr. Takeshy Tachizawa – Faculdade de Campo Limpo Paulista

Conselho Técnico Científico

Prof. Msc. Abrãao Carvalho Nogueira – Universidade Federal do Espírito Santo
Prof. Dr. Adaylson Wagner Sousa de Vasconcelos – Ordem dos Advogados do Brasil/Seccional Paraíba
Prof. Msc. André Flávio Gonçalves Silva – Universidade Federal do Maranhão
Prof.ª Drª Andreza Lopes – Instituto de Pesquisa e Desenvolvimento Acadêmico
Prof. Msc. Carlos Antônio dos Santos – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro
Prof. Msc. Daniel da Silva Miranda – Universidade Federal do Pará
Prof. Msc. Eliel Constantino da Silva – Universidade Estadual Paulista
Prof.ª Msc. Jaqueline Oliveira Rezende – Universidade Federal de Uberlândia
Prof. Msc. Leonardo Tullio – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Prof.ª Msc. Renata Luciane Polsaque Young Blood – UniSecal
Prof. Dr. Welleson Feitosa Gazel – Universidade Paulista

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) (eDOC BRASIL, Belo Horizonte/MG)
<p>C744 Conceitos básicos da genética [recurso eletrônico] / Organizador Benedito Rodrigues da Silva Neto. – Ponta Grossa (PR): Atena Editora, 2019.</p> <p>Formato: PDF Requisitos do sistema: Adobe Acrobat Reader. Modo de Acesso: World Wide Web Inclui bibliografia. ISBN 978-85-7247-421-4 DOI 10.22533/at.ed.214192106</p> <p>1. Genética – Estudo e ensino. 2. Genética e melhoramento. I. Silva Neto, Benedito Rodrigues da.</p> <p style="text-align: right;">CDD 576</p>
Elaborado por Maurício Amormino Júnior CRB6/2422

Atena Editora
Ponta Grossa – Paraná - Brasil
www.atenaeditora.com.br
contato@atenaeditora.com.br

APRESENTAÇÃO

Há exatos dezanove anos, mais precisamente na data de 21 de junho de 2000, um dos anúncios mais esperados nos últimos tempos pela comunidade científica era feito: simultaneamente nos Estados Unidos e em Londres o presidente Bill Clinton e o primeiro ministro Tony Blair divulgaram, o que segundo eles seria uma nova era para a humanidade, o sequenciamento do genoma humano. O “rascunho da vida” como denominaram traria novas expectativas quanto à doenças incuráveis, desafios éticos, novas propostas tecnológicas para a pesquisa, mas principalmente uma acessibilidade muito maior ao conceito de genética para a população.

Desde então uma revolução molecular pôde ser observada, novos conceitos adentraram às salas de aula, novos equipamentos evoluíram os laboratórios de pesquisa, novos e milhares de artigos passaram a publicar quase que “em tempo real” as descobertas no campo ambiental, microbiológico, industrial e da saúde. Podemos dizer também que a genética chegou como nunca às mesas das famílias, deixando de ser um assunto apenas dos cientistas.

Portanto a literatura aqui apresentada e intitulada “Conceitos básicos da genética” torna-se relevante não apenas por abordar assuntos relativos à comunidade acadêmica, mas principalmente por demonstrar a diversidade de áreas que hoje utilizam das ferramentas genéticas e moleculares em seus estudos que estão diretamente relacionados ao dia-a-dia da população.

Cada vez mais, o acelerado mundo das descobertas científicas caminha a passos largos e rápidos no sentido de transformar a pesquisa básica em aplicada, portanto é relevante destacar que investimentos e esforços nessa área contribuem grandemente com o desenvolvimento de uma nação. A genética como sabemos possui um campo vasto de aplicabilidades que podem colaborar e cooperar grandemente com os avanços científicos e tecnológicos.

Esperamos que seja apenas o primeiro de muitos outros livros na área, já que a cada dia novas tecnologias genéticas tornam-se acessíveis e novas descobertas são possíveis. Parabenizamos cada autor pela teoria bem fundamentada aliada à resultados promissores, e principalmente à Atena Editora por permitir que o conhecimento seja difundido e disponibilizado para que as novas gerações se interessem cada vez mais pelo ensino e pesquisa em genética.

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1	1
FERRAMENTAS GENÔMICAS E GEOGRÁFICAS PARA AVALIAR A DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÕES SUÍNAS	
<i>Elizabete Cristina da Silva</i>	
<i>Samuel Rezende Paiva</i>	
<i>Concepta Margaret McManus Pimentel</i>	
<i>Victor Huço de Vasconcelos Calado</i>	
DOI 10.22533/at.ed.2141921061	
CAPÍTULO 2	12
A ABORDAGEM DE GENÉTICA SOB O OLHAR DOS DISCENTES DE ENFERMAGEM DE UMA INSTITUIÇÃO DE ENSINO SEMIPRESENCIAL NO MUNICÍPIO DE ANANINDEUA, ESTADO DO PARÁ	
<i>Letícia Gomes de Oliveira</i>	
<i>Maria Josilene Castro de Freitas</i>	
<i>Brena Yasmim Barata Nascimento</i>	
<i>Shirlene de Nazaré Costa da Silva</i>	
<i>Leandro Neves da Silva Costa</i>	
<i>Dolanno Ferreira Alves</i>	
<i>Adan Rodrigues de Oliveira</i>	
<i>Joycianne Rodrigues Parente</i>	
<i>Karina Guedes Lima</i>	
<i>Abigail das Mercês do Vale Batista</i>	
<i>Dayara de Nazaré Rosa de Carvalho</i>	
DOI 10.22533/at.ed.2141921062	
CAPÍTULO 3	17
A GENÉTICA TOXICOLÓGICA E O BIOENSAIO <i>Allium cepa</i>	
<i>Schirley Costalonga</i>	
<i>Maria do Carmo Pimentel Batitucci</i>	
DOI 10.22533/at.ed.2141921063	
CAPÍTULO 4	25
ANÁLISES GENÉTICAS NÃO INVASIVAS E SUA CONTRIBUIÇÃO PARA A GENÉTICA DA CONSERVAÇÃO DE FELINOS BRASILEIROS	
<i>Andiara Silos Moraes de Castro Souza</i>	
<i>Bruno Henrique Saranholi</i>	
<i>Pedro Manoel Galetti Jr</i>	
DOI 10.22533/at.ed.2141921064	
CAPÍTULO 5	40
AVALIAÇÃO DA DISCIPLINA DE GENÉTICA HUMANA FRENTE ÀS DIRETRIZES CURRICULARES NACIONAIS PARA O CURSO DE GRADUAÇÃO EM MEDICINA	
<i>Sulyanne Saraiva de Almeida</i>	
<i>Alcivan Batista de Moraes Filho</i>	
<i>João Paulo da Silva Liberalino</i>	
<i>Sandy Albuquerque Silveira</i>	
<i>Bruna Prado de Oliveira</i>	
<i>Thales Allyrio Araújo de Medeiros Fernandes</i>	
DOI 10.22533/at.ed.2141921065	

CAPÍTULO 6 54

CITOGENOTOXICIDADE E MUTAGENICIDADE DO SULFATO DE COBRE EM DIFERENTES VARIEDADES DE *allium cepa* LINN

Júlio Brando Messias
Rosanne Lopes de Brito
Gerusa Tomaz de Aquino Beltrão
Inalda Maria de Oliveira Messias
Mônica Simões Florêncio
Betty Rose de Araújo Luz
Sura Wanessa Nogueira Santos Rocha
Mércia Cristina de Magalhães Caraciolo
João Ferreira da Silva Filho

DOI 10.22533/at.ed.2141921066

CAPÍTULO 7 65

COMO SURGEM NOVAS ENZIMAS? EVOLUÇÃO MOLECULAR DE NOVAS CÓPIAS GÊNICAS NA SUPERFAMÍLIA DAS RODANASES EM DIPTERA

Luana Sousa Soares
Iderval da Silva Júnior Sobrinho

DOI 10.22533/at.ed.2141921067

CAPÍTULO 8 83

DIVERSIDADE GENÉTICA EM *Hoplias malabaricus* (BLOCH, 1794) REVELA DIFERENTES LINHAGENS EM BACIAS MARANHENSES

Walna Micaelle de Moraes Pires
Maria Claudene Barros
Elmary da Costa Fraga

DOI 10.22533/at.ed.2141921068

CAPÍTULO 9 98

DNA BARCODING CONFIRMA A OCORRÊNCIA DE ESPÉCIES AMAZÔNICAS NA ICTIOFAUNA DO RIO TURIQUÊ, MARANHÃO/BRASIL

Bruno Rafael da Silva Teixeira
Maria Claudene Barros
Elmary da Costa Fraga

DOI 10.22533/at.ed.2141921069

CAPÍTULO 10 111

EVALUATION OF HETEROLOGOUS PROTEIN EXPRESSION AT DIFFERENT CONCENTRATIONS OF MGSO₄ AND IPTG IN ESCHERICHIA COLI W110

Yago Queiroz dos Santos
Gabriella Silva Campos Carelli
Bruno Oliveira de Veras
Joelton Igor Oliveira da Cruz
Geovanna Maria Medeiros Moura
Antônio Moreira Marques Neto
Anderson Felipe Jácome de França

DOI 10.22533/at.ed.21419210610

CAPÍTULO 11 119

ANÁLISE DA IMPORTANCIA DE ESTUDOS DO GENE MDR1 E SEU PAPEL NO DESENVOLVIMENTO DE MULTIRESTENCIA A FÁRMACOS PARA TRATAMENTO DE CANDIDÍASE

Lucas Lopes Lima

Benedito R. Da Silva Neto

DOI 10.22533/at.ed.21419210611

CAPÍTULO 12 128

EVALUATION OF PLASMA MIRNAS FOR EARLY DIAGNOSIS OF BREAST CANCER

Alexis Germán Murillo Carrasco

Stefano Giannoni Luza

Oscar Acosta Conchucos

José Manuel Cotrina Concha

Alfredo Aguilar Cartagena

Lia Pamela Rebaza Vásquez

Ricardo Miguel Fujita Alarcón

José Luis Buleje Sono

DOI 10.22533/at.ed.21419210612

CAPÍTULO 13 139

POLIMORFISMO DO GENE GOLA-DRB.2 EM REBANHOS CAPRINOS LEITEIROS

Luciana Florêncio Vilaça Lopes

Elizabete Cristina da Silva

Elizabete Rodrigues da Silva

Severino Benone Paes Barbosa

Ângela Maria Vieira Batista

Kleber Régis Santoro

DOI 10.22533/at.ed.21419210613

CAPÍTULO 14 151

IDENTIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE PEIXES DA APA DO INHAMUM, LESTE MARANHENSE, BRASIL

Renato Corrêa Lima;

Marcelo Silva de Almeida;

Maria Claudene Barros;

Elmary da Costa Fraga;

DOI 10.22533/at.ed.21419210614

CAPÍTULO 15 169

MIRNAS: UMA CLASSE DE PEQUENOS RNAs REGULATÓRIOS

Juliana Santana de Curcio

Kleber Santiago Freitas e Silva

Lívia do Carmo Silva

Amanda Alves de Oliveira

Thaynara Gonzaga Santos

Lucas Weba Soares

DOI 10.22533/at.ed.21419210615

CAPÍTULO 16	179
O CICLO CELULAR E SEUS MECANISMOS DE CONTROLE: UMA REVISÃO	
<i>Schirley Costalonga</i>	
<i>Maria do Carmo Pimentel Batitucci</i>	
DOI 10.22533/at.ed.21419210616	
CAPÍTULO 17	191
OSTEOSSARCOMA PEDIÁTRICO	
<i>Natália Paiva do Nascimento</i>	
<i>Thauanna Alves Meira</i>	
<i>Mariana Camargo Maschietto</i>	
DOI 10.22533/at.ed.21419210617	
CAPÍTULO 18	202
PHYLOGENETIC ANALYSIS AND IDENTIFICATION OF A CELLULASE PRODUCING BACILLUS SP. STRAIN BY 16S RRNA SEQUENCING	
<i>Yago Queiroz dos Santos</i>	
<i>Anderson Felipe Jácome de França</i>	
<i>Bruno Oliveira de Veras</i>	
<i>Gabriella Silva Campos Carelli</i>	
<i>Geovanna Maria Medeiros Moura</i>	
<i>Joelton Igor Oliveira da Cruz</i>	
<i>Fernanda Granja da Silva Oliveira</i>	
<i>João Ricardhis Saturnino de Oliveira</i>	
<i>Luciclaudio Cassimiro de Amorim</i>	
<i>Elizeu Antunes dos Santos</i>	
DOI 10.22533/at.ed.21419210618	
CAPÍTULO 19	210
POLIMORFISMOS GENÉTICOS E DOENÇAS HUMANAS NA ERA DA BIOINFORMÁTICA	
<i>Kleber Santiago Freitas e Silva</i>	
<i>Juliana Santana de Curcio</i>	
<i>Lucas Weba Soares</i>	
<i>Lívia do Carmo Silva</i>	
<i>Amanda Alves de Oliveira</i>	
<i>Thaynara Gonzaga Santos</i>	
DOI 10.22533/at.ed.21419210619	
CAPÍTULO 20	226
QUIMIOPROTEÔMICA: DESCOBRINDO MOLÉCULAS BIOATIVAS E SEUS ALVOS	
<i>Lívia do Carmo Silva</i>	
<i>Kleber Santiago Freitas e Silva</i>	
<i>Juliana Santana De Curcio</i>	
<i>Lucas Weba Soares</i>	
DOI 10.22533/at.ed.21419210620	
SOBRE O ORGANIZADOR	240

DIVERSIDADE GENÉTICA EM *Hoplias malabaricus* (BLOCH, 1794) REVELA DIFERENTES LINHAGENS EM BACIAS MARANHENSES

Walna Micaelle de Moraes Pires

Universidade Estadual do Maranhão (CESC/UEMA), Departamento de Química e Biologia, Caxias- MA

Maria Claudene Barros

Universidade Estadual do Maranhão (CESC/UEMA), Departamento de Química e Biologia, Caxias- MA

Elmary da Costa Fraga

Universidade Estadual do Maranhão (CESC/UEMA), Departamento de Química e Biologia, Caxias- MA

RESUMO: A espécie *Hoplias malabaricus*, conhecida popularmente como traíra é considerada uma única espécie nominal, porém, estudos citogenéticos e moleculares vêm confirmando a existência de um complexo de espécies com uma diversidade cariotípica de sete citótipos reconhecidos. Neste contexto, objetivando determinar os padrões de diversidade genética, bem como a ocorrência de diferentes linhagens em bacias hidrográficas maranhenses utilizou-a Região Controle do DNA mitocondrial. Amostras de *H. malabaricus* foram coletadas dos rios Turiaçu, Pindaré, Mearim, Itapecuru e Parnaíba. O DNA total foi extraído usando o kit Wizard Genomic DNA Purification da Promega seguindo as instruções do fabricante e a amplificação gênica realizada

via PCR com posterior sequenciamento. Os dados foram analisados com os softwares BioEdit, MEGA6, DNAsp 5.1, Haploviewer, BAPS 6.0 e ARLEQUIN 3.5. Os resultados obtidos revelaram um processo de diferenciação genética entre as amostras analisadas. A árvore gerada mostrou o agrupamento dos espécimes em três haplogrupos maiores com os suportes variando de 88 a 98% de *bootstrap* estando bem suportados. A AMOVA realizada mostrou valores de F_{st} elevado (0,465) e valores de p altamente significativos, confirmando processo de diferenciação em curso. Os resultados evidenciam um processo de diferenciação genética em *H. malabaricus* nas bacias estudadas, uma vez que para os espécimes maranhenses, que segundo a literatura são representados por um único citótipo, obtivemos três linhagens diferentes corroborando com os dados cromossômicos e citogenéticos existentes na literatura e reforçando a necessidade de uma revisão taxonômica.

PALAVRAS-CHAVE: Traíra, Complexo de espécies, Divergência Genética, Maranhão.

ABSTRACT: The species *Hoplias malabaricus*, popular trahira is considered a single nominal species, however, cytogenetic and molecular studies have confirmed the existence of a complex of species with a karyotype diversity of seven recognized cytotypes. In this context,

aiming determine the genetic diversity patterns and the lineage occurring in Maranhão basins we used the Region Control of mitochondrial DNA. *H. malabaricus* samples were collected from rivers Turiaçu, Pindaré, Mearim, Itapecuru and Parnaíba. Total DNA was extracted using the Wizard Genomic DNA Purification Kit of Promega according to the manufacturer's instructions and the gene amplification performed by PCR with subsequent sequencing. Data were analyzed with the software BioEdit, MEGA6, DNAsp 5.1, Haploviewer, BAPS 6.0, and ARLEQUIN 3.5. The generated tree showed the grouping of specimens into three major haplogroups, with support ranging 88-98 % of *bootstrap* being well supported. The AMOVA performed showed high values of *Fst* (0.465) and highly significant *p*- values, confirming ongoing differentiation process. The results show a process of genetic differentiation in *H. malabaricus* in the studied basins, once for maranhenses specimens, which according to the literature are represented by a single cytotype, we obtained three different strains corroborating existing chromosome and cytogenetic data in the literature and reinforcing the need for taxonomic revision.

KEYWORDS: Trahira, Species Complex, Genetic Divergence, Maranhão.

1 | INTRODUÇÃO

A Ordem Characiformes compreende um grupo dominante entre os peixes de água doce da América do Sul, e apresentam destacada importância na pesca comercial e de subsistência (BRITSKI et al., 1999), sendo vulgarmente chamados de peixes de escamas. A ordem, é constituída por cerca de 1.674 espécies válidas, distribuídas em 270 gêneros, sendo que na Amazônia ocorre mais da metade de suas espécies (NELSON, 2006).

A família Erythrinidae compreende um pequeno grupo de Characiformes com apenas 14 espécies (FRICKE; ESCHMEYER, 2012), agrupadas nos gêneros *Erythrinus* Scopoli, 1777, *Hoplerythrinus* Gill, 1985 e *Hoplias* Gill, 1903 e distribuídas na região Neotropical. É um táxon endêmico das Américas do Sul e Central (OYAKAWA, 2003).

Apesar de ser uma família relativamente pequena, a identificação precisa das espécies que compõem a mesma é bastante problemática. A espécie *H. malabaricus* (BLOCH, 1794) de acordo com diversos estudos citológicos e moleculares correspondem, na realidade a um grupo de espécies com taxonomia confusa.

Segundo Morellí (1998), *H. malabaricus*, conhecida popularmente como traíra, apresenta o corpo cilíndrico com uma leve depressão lateral, possui nadadeira dorsal angular, cabeça bastante longa, boca ampla e mandíbulas proeminentes, possui dentes fortes e cônicos, com presença de caninos, possui coloração que varia desde marrom escuro passando a um bege claro possibilitando que a traíra se camufle na vegetação para capturar suas presas (OYAKAWA, 1998). É uma espécie sedentária bem adaptada a ambientes lênticos de água doce, embora possa ser encontrada em rios de grande e pequeno porte (SABINO; ZUANON, 1998).

Estudos citogenéticos em *H. malabaricus* vêm sendo realizados desde a década de 70 (BERTOLLO, 1978; BERTOLLO et al., 2000; PAZZA; JÚLIO Jr., 2003; VICARI et al., 2005; JACOBINA et al., 2009; BLANCO et al., 2010; MARQUES et al., 2013). Além desses, outros mais recentes de cunho molecular (SANTOS et al., 2009; PEREIRA et al., 2012, MARQUES et al., 2013) vêm confirmando a existência de um complexo de espécies atribuídas a este táxon. Uma vez que, estes tem revelado uma diversidade cariotípica com sete citótipos reconhecidos denominados de A-G com uma elevada diversidade genética. Para a região de São Luís no Maranhão, foi reportado por Bertollo et al. (2000) que as populações de *H. malabaricus* são caracterizadas pelo citótipo F (2n=40), com distribuição geográfica do Suriname ao rio São Francisco.

1.1 Marcadores Moleculares

A delimitação precisa das espécies é um problema clássico das ciências biológicas. Os dados morfológicos foram, historicamente, os primeiros a serem utilizados na identificação de espécies. Com o desenvolvimento de novos métodos, as investigações com DNA mitocondrial passaram a ser um dos principais métodos para diferenciação de espécies (AVISE, 2004).

Dentre os genes mitocondriais, a Região Controle, também conhecida como *D-loop*, é uma das mais utilizadas em estudos populacionais. Possui em torno de 1.100 pares de bases e em peixes localiza-se entre as regiões codificadoras de dois RNAs transportadores (tRNA), o tRNA da prolina e o tRNA da fenilalanina (LUI et al., 2012). A taxa de mutação deste segmento chega a ser cem vezes mais rápida do que acontece no DNA nuclear (AVISE, 2004). Conseqüentemente, a região controle tem sido utilizada em estudos da variação genética intraespecífica, incluindo espécie de peixes, revelando diferenças significativas mesmo entre populações separadas por pequenas distâncias geográficas (PANARARI-ANTUNES et al., 2012).

Como a espécie *H. malabaricus* é taxonomicamente confusa, com a ocorrência de sete citótipos reconhecidos e com grande variabilidade genética para os mesmos, e considerando-se que o Estado do Maranhão está localizado em uma região de transição entre a Amazônia, o Cerrado e a Caatinga, pretendeu-se verificar por meio desse estudo, se os espécimes maranhenses de *H. malabaricus* pertencem a uma única linhagem, a partir da análise dos índices de diversidade genética e assim gerar informações sobre as populações para este táxon, procurando elucidar questões sobre a taxonomia e estrutura genética de suas populações, bem como verificar se o possível (eis) citótipo (s) ocorrente(s) constitui linhagens diferenciadas.

2 | MATERIAL E MÉTODOS

2.2 Área de Coleta

As amostras foram obtidas dos seguintes rios maranhenses: Itapecuru, Pindaré,

Mearim, Turiaçu e Parnaíba. As bacias maranhenses estudadas possuem diferentes características hídricas (Figura 1).

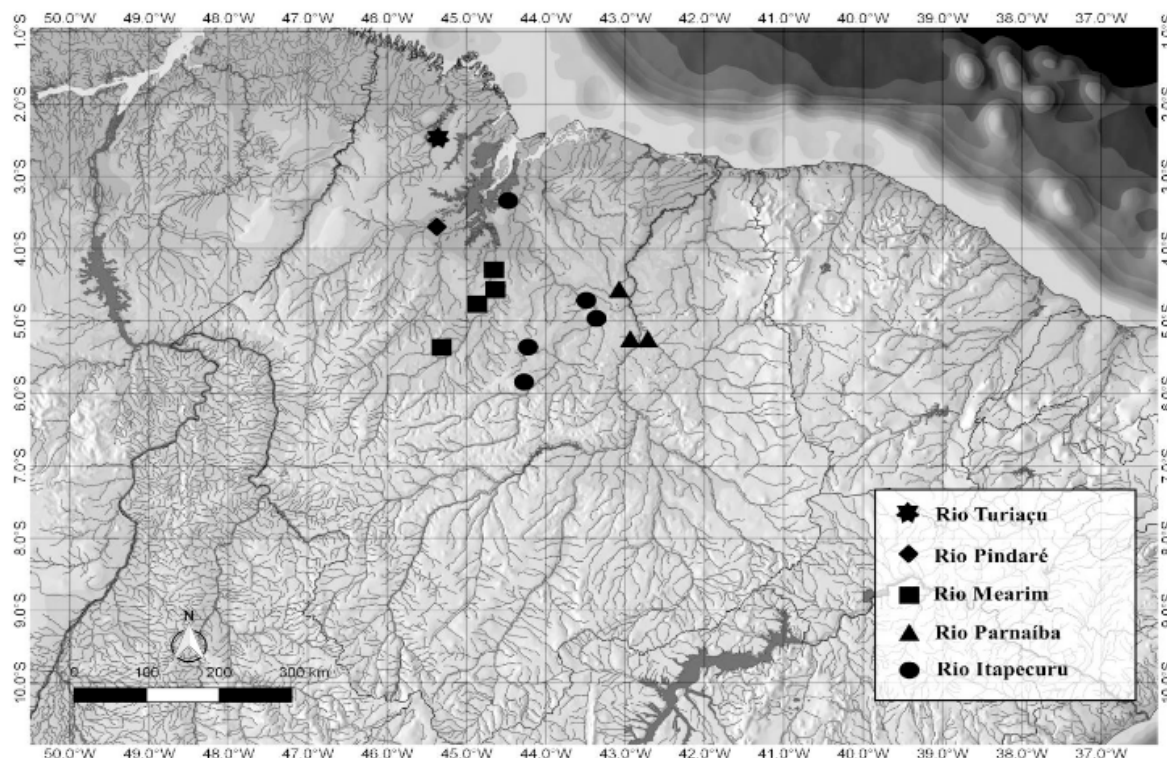


Figura 1. Localização dos pontos amostrais em cada bacia. Modificado por TEIXEIRA (2016). Criado com o programa Quantum GIS 2.6.

2.3 Amostragem

A amostragem foi constituída de espécimes de *H. malabaricus* coletados no curso das bacias dos rios Itapecuru, Pindaré, Mearim, Parnaíba e Turiaçu. Para a coleta foram utilizados apetrechos de pesca como redes de arrasto, malhadeiras de vários milímetros, currais e tarrafas. Para a identificação taxonômica utilizou-se literatura científica (BRITSKI et al., 1999; PIORSKI et al., 2007; BERTOLLO et al., 2000) e posterior confirmação por especialista. As coletas realizaram-se mediante a autorização do Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis (n°. 02012.004159/2006 - rio Itapecuru, ICMBIO n°.46367-1 -rio Pindaré, ICMBIO- MMA n° 42.119-2 - rio Mearim e ICMBIO n°. 46367-1 - rio Turiaçu).

2.4 Técnicas moleculares

O DNA total foi isolado a partir das amostras de tecido muscular empregando-se o protocolo kit Wizard Genomic DNA Purification Promega seguindo as instruções do fabricante. O isolamento e amplificação da Região Controle a partir do DNA total foi realizado através da técnica de Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) usando-se uma combinação de *primers* específicos e seguindo as condições descritas por Rodrigues et al. (2008). Os produtos das PCRs foram purificados com o KIT ExoSap IT foram submetidos à reação de sequenciamento de DNA utilizando o método

Didesoxiterminal (SANGER et al., 1977), após a reação de sequência, as amostras foram precipitadas e em seguida foram submetidas ao sequenciador automático de DNA (ABI 3500/Life Technologies).

2.5 Análise dos dados

As sequências foram alinhadas no CLUSTAL W 1.4 (THOMPSON et al., 1994) e editadas no BIOEDIT 7.0 (HALL, 1999). Foi verificado o melhor modelo evolutivo para a reconstrução filogenética de no programa MEGA 6 (TAMURA et al., 2013). Posteriormente a escolha do modelo evolutivo, foram geradas árvores filogenéticas. A significância dos agrupamentos foi estimada pela análise de *bootstrap* (1000 réplicas) (FELSENSTEIN, 1985). O programa MEGA 6 também foi usado para gerar a matriz de distância genética entre os espécimes dos rios analisados, sob o modelo evolutivo Kimura-2- parâmetros (K2P) (KIMURA, 1980). Uma sequência de *Prochilodus argenteus* (NC027689), foi incorporada às análises como grupo externo. As redes de haplótipos foram construídas a partir do programa Haploviewer (SALZBURGER et al., 2011). As análises populacionais foram obtidas através dos softwares DNAsp 5.1 (LIBRADO; ROZAS, 2009), BAPS 6.0 (CORANDER et al., 2008) e ARLEQUIN 3.5 (EXCOFFIER et al., 2007). A Análise Molecular de Variância (AMOVA) foi realizada no software ARLEQUIN 3.5. (EXCOFFIER et al., 2007).

3 | RESULTADOS

3.6 Análise do polimorfismo do fragmento

Um fragmento de 797 pb (pares de base) da região controle (*D-loop*) foi obtido para 37 espécimes de *H. malabaricus* provenientes de cinco Bacias Hidrográficas do Maranhão. Comparações das bases de nucleotídeos mostraram 697 sítios conservados e 100 sítios variáveis, sendo 95 informativos para parcimônia. Foram obtidos 30 haplótipos, com diversidade haplotípica de 0,984 e a diversidade nucleotídica de 0,044. Quando analisada isoladamente as populações, observou-se que os maiores valores de diversidade haplotípica ocorreram para as populações das bacias do Pindaré e Parnaíba com valor de ($h = 1,000$) para ambas (Tabela 1). Os demais valores foram sumarizados na tabela 1.

Populações	N	NH	K	S	Índice de diversidade molecular	
					Haplotípica (H)	Nucleotídica (π)
Itapecuru	14	11	28,533	80	0,943	0,035
Pindaré	6	6	18,933	42	1,000	0,023
Parnaíba	2	2	5,000	5	1,000	0,006
Mearim	6	4	31,600	64	0,800	0,039
Turiaçu	9	8	5,556	12	0,972	0,006

Populações Agrupa- das	37	30	35,229	95	0,984	0,044
-----------------------------------	----	----	--------	----	-------	-------

Tabela 1. Diversidade genética dos espécimes de *H. malabaricus* de diferentes bacias maranhenses baseado em 797 pb da Região Controle.

(**N**= número amostral, **NH**= número de haplótipos, **K**= número médio de diferenças nucleotídicas, **S**= sítios polimórficos).

Do total de haplótipos encontrados, 29 correspondem a haplótipos únicos (*singletons*) distribuídos diferentemente entre as bacias analisadas e um foi compartilhado entre os rios Pindaré e Mearim (Figura 2). A análise da rede de haplótipos permite inferir que existe uma separação incompleta de linhagens, constatada pelo padrão de distribuição dos haplótipos observados, que não permite separar claramente as populações dos rios entre si, devido aos poucos passos mutacionais que separam um haplótipo do outro, chegando a ocorrer o compartilhamento de haplótipos entre as bacias.

3.7 Análises filogenéticas e distância genética

Os resultados mostraram o agrupamento dos espécimes em três haplogrupos maiores para as populações maranhenses onde estes tiveram os suportes variando de 88 a 98% de *bootstrap* estando bem suportados. O primeiro haplogrupo foi formado pelos haplótipos do rio Mearim e Itapecuru, sendo suportado pelos valores de 88NJ/81MP/86ML. Este haplogrupo possui dois subclados, onde o primeiro foi formado por três haplótipos do rio Itapecuru e o segundo por haplótipos do rio Mearim, ambos com suporte de 100NJ/99MP/99ML. O segundo haplogrupo foi formado pelos haplótipos do rio Turiaçu, com suporte de 98NJ/95MP/96ML. O terceiro haplogrupo foi constituído por espécimes das populações dos rios Pindaré, Mearim e Parnaíba com suporte de 84NJ/67MP/80ML. Dentro deste haplogrupo, houve a formação de dois subclados sendo o primeiro formado por haplótipos do rio Parnaíba com valores de 100NJ/99MP/99ML e o segundo subclado foi formado por haplótipos do rio Pindaré, com suporte de 100NJ/99MP/99ML (Figura 3). As divisões observadas na árvore são um claro indicativo de politomia das amostras com separação incompleta das linhagens e são semelhantes àqueles evidenciados na rede de haplótipos.

A distância genética média entre os grupos variou de 3,4 a 5,9%, com a população do rio Pindaré sendo a mais diferenciada. Os demais valores de divergência obtidos para as populações estão sumarizados na Tabela 2.

Populações	% Divergência Nucleotídica				
	1	2	3	4	5
1. Turiaçu	0,7				
2. Itapecuru	5,4	3,7			
3. Mearim	5,7	4,9	4,1		

4. Pindaré	4,3	5,9	4,6	2,4	
5. Parnaíba	3,4	5,3	5,1	3,4	0,6

Tabela 2. Média de distância genética K2P para a Região Controle nas populações de *H. malabaricus*. Os valores em diagonal correspondem à diversidade média intraespecífica.

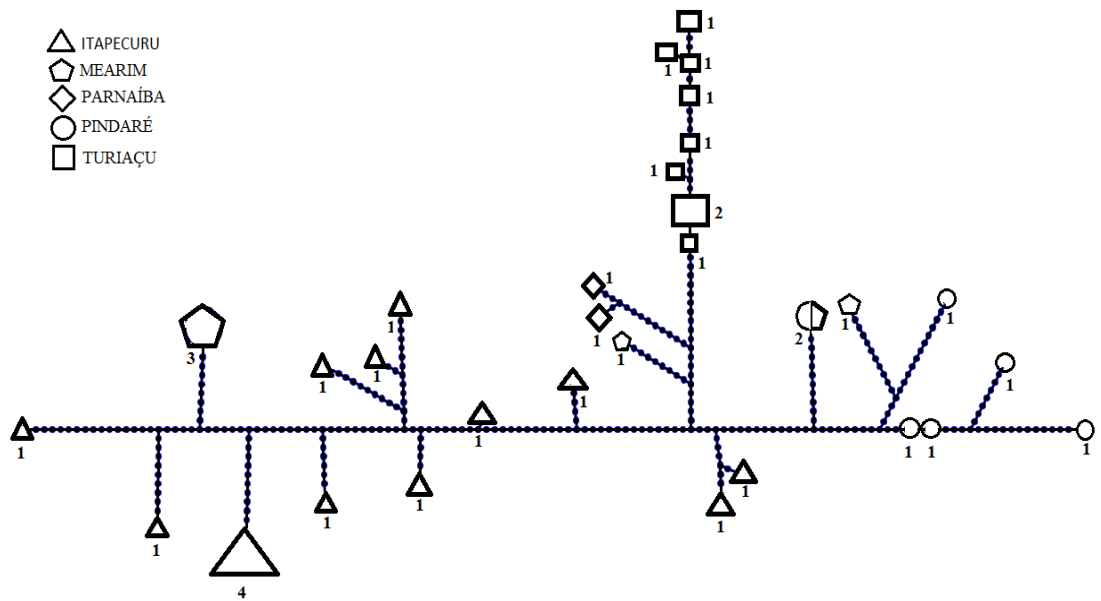


Figura 2. Rede de haplótipos gerada para populações de *H. malabaricus* provenientes das bacias maranhenses com base na Região Controle. Os números próximos aos símbolos representam as frequências com que os haplótipos ocorrem.

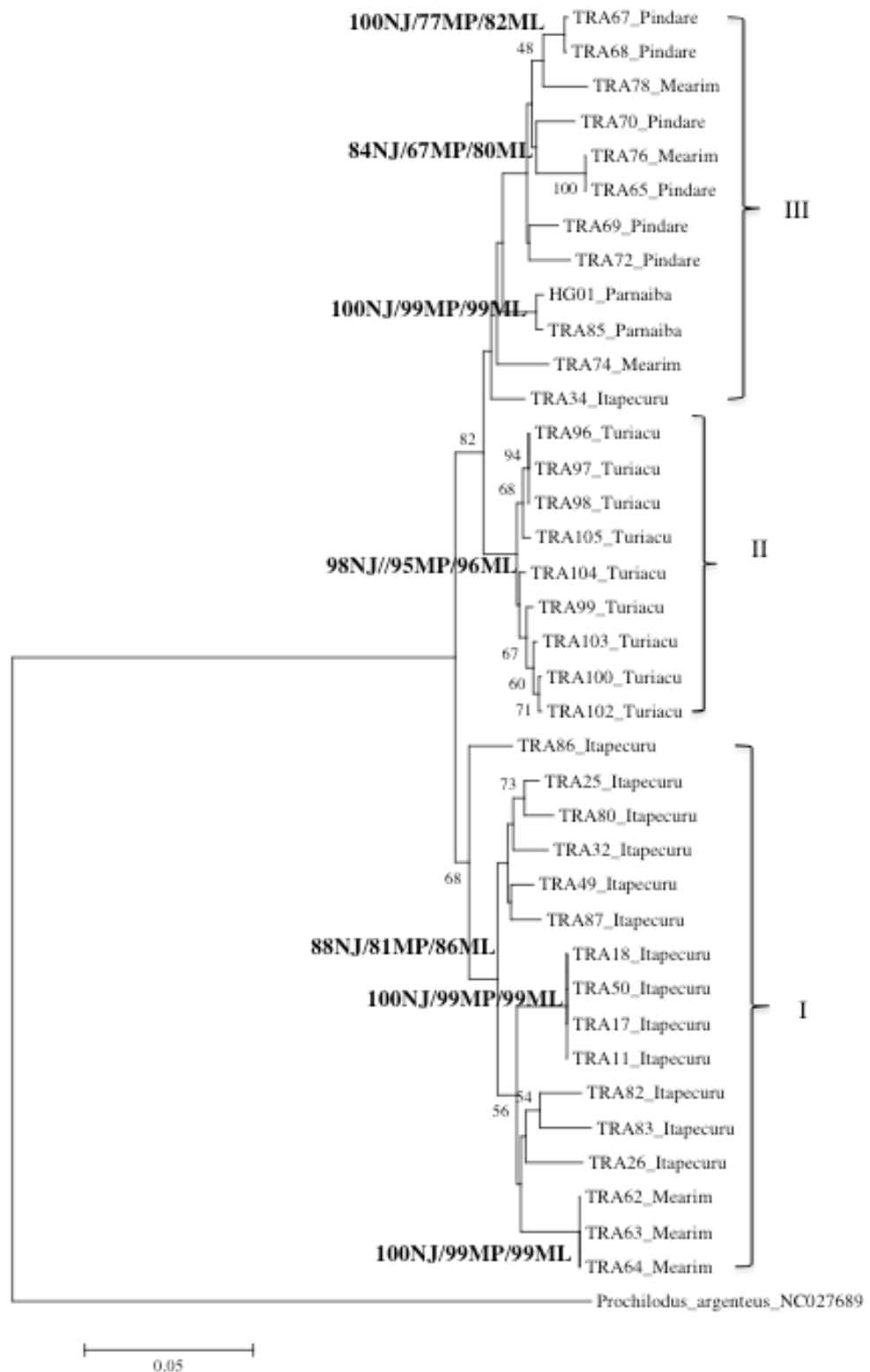


Figura 3. Árvore de haplótipos Região Controle obtida com 1000 réplicas de *bootstrap*. Os números nos ramos indicam da esquerda para a direita os valores de *bootstrap* para NJ, MP e ML

Análise Molecular de Variância (AMOVA)

Os resultados dos testes de AMOVA mostraram que a maior porcentagem de variação genética ocorreu dentro das populações (53,43%) com valores de p e F_{st} altamente significativo, sendo indicativo de um processo de diferenciação genética em curso nas populações dos rios estudados (Tabela 3).

Tipos de variação	Componentes de Variação	% Total de Variação	Fst Estatístico	p
Grupo Maranhão (Itapecuru, Pindaré, Mearim, Parnaíba, Turiaçu)				
Entre populações	924.696Va	53,43	0,465	<0,001
Dentro das populações	1.062.997Vb	46,52		

Tabela 3. Resultados da AMOVA nas populações de *H. malabaricus* analisadas.

*valores de *p*, calculados aleatoriamente com 1023 permutações.

Verificamos por meio dos resultados gerados pelo BAPS que há um compartilhamento de linhagens entre as bacias. Entretanto a configuração de grupos apresentada por essa análise não difere daquilo que foi evidenciado em outras análises no presente estudo, apontando para a existência de três grupos diferenciados. Onde há ocorrência de uma única linhagem para o rio Turiaçu. No grupo do rio Itapecuru e Mearim observam-se à presença de uma linhagem exclusiva para este rio. A análise revelou ainda que no grupo do rio Mearim, ocorrem duas linhagens, onde uma delas compartilhada com o rio Itapecuru e a outra compartilhada com os rios Parnaíba e Pindaré, corroborando o padrão evidenciado tanto na rede, quanto na árvore de haplótipos (Figura 4).

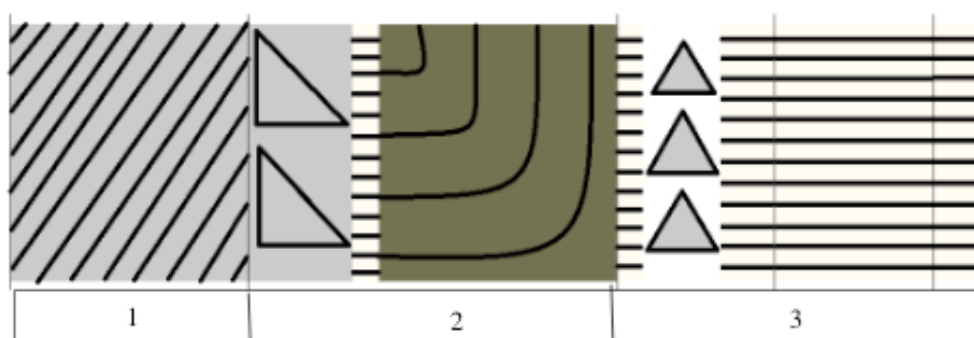


Figura 4- Gráfico em barras gerado pela análise no Programa BAPS v.6, a qual estima a probabilidade posterior da formação de grupos. Na figura os grupos são representados pelos desenhos, e pela numeração das populações, mostrando um total de 3 grupos. **1** – Turiaçu, **2** – Itapecuru e Mearim, **3**- Mearim, Pindaré e Parnaíba.

DISCUSSÃO

Os resultados da análise das populações agrupadas de *H. malabaricus* com base na análise da Região Controle mostrou alta diversidade haplotípica para os espécimes maranhenses. Estes resultados são similares aqueles encontrados por Pereira et al. (2013), analisando populações de *H. malabaricus* oriundas de bacias da região do leste do Brasil, utilizando os marcadores ATPase-6 e o gene nuclear ativador de recombinação (RAG2), encontrou alta divergência molecular (8,7% e 11,1%), para os espécimes estudados e distribuídos em quatro haplogrupos (Nordeste, Leste A, Leste B e Sudeste).

Segundo Lundberg et al. (1998) o padrão de divergência pode ser explicado levando-se em consideração a história geomorfológica das bacias hidrográficas a qual habitam. A ocorrência de espécies relacionadas nas bacias brasileiras tem sido atribuída aos efeitos das variações do nível do mar provocadas por ciclos de glaciação (WEITZMAN et al., 1988). Durante a máxima glacial, a diminuição nos níveis do mar podem ter favorecido a confluência dos rios adjacentes e permitido que os peixes de água doce tenham se dispersado entre bacias (BEHEREGARAY et al., 2002). Além disso, captura de cabeceira entre bacias (LUNDBERG et al., 1998) pode explicar similaridades de fauna. Tais fatores podem ser considerados para tentar entender a distribuição dos espécimes entre as bacias analisadas.

Os resultados demonstraram uma alta variabilidade genética para as populações estudadas. A variabilidade genética é um componente decisivo para a sobrevivência de uma espécie a médio e longo prazo, uma vez que é devido a ela que uma espécie está apta a se adaptar as constantes modificações do meio ambiente (FRANKHAM et al., 2002). É a variabilidade genética que permite que populações submetidas a mudanças ambientais respondam às pressões ecológicas no sentido contrário à redução populacional e à extinção local (WANG et al., 2002). A alta variabilidade evidenciada em nosso estudo aparenta ser uma característica comum da espécie, já que elevados índices de diferenciação foram relatados por outros autores utilizando diferentes tipos de marcadores moleculares, como nos estudos de Dergam et al. (1998), Peres et al. (2002), Marques et al. (2013), Rosso et al. (2012) e Pereira et al. (2013).

A reconstrução filogenética obtida mostrou a formação de três haplogrupos entre os espécimes maranhenses, indicando a ocorrência de diferentes linhagens para estes rios. Resultados similares foram obtidos por Abreu-Souza (2014), estudando *H. malabaricus* de drenagens maranhenses (Turiaçu, Pindaré, Mearim, Itapecuru, Munim, Gurupi, Parnaíba e Tocantins) através da região *D-loop*. Convém ressaltar que o “n amostral” obtido no estudo de Abreu-Souza foi maior. Marques et al. (2013) estudando populações de *H. malabaricus* da bacia Amazônica, por meio do gene COI, encontrou a formação de seis haplogrupos, demonstrando um padrão de diferenciação para o táxon. Estes resultados permitem constatar a alta variabilidade presente no grupo e

a ocorrência de diferentes linhagens mesmo dentro de uma única bacia hidrográfica. Esse padrão de distribuição também foi constatado por meio das redes de haplótipos e pelas análises do BAPS.

Segundo Avise (2004) a variação genética populacional deve ser função tanto da diversidade genética disponível originalmente para a espécie, quanto de processos contemporâneos como seleção, fluxo gênico, sistema de cruzamento entre outros, que governam como aquela variação é posteriormente repassada entre e dentro das populações. No caso dos peixes de água doce, suas populações em geral se distribuem por locais isolados, o que pode minimizar as trocas gênicas entre elas, levando a processos de diferenciação genética (RAMOS, 2007). Como *H. malabaricus* é uma espécie sedentária e vive preferencialmente em populações isoladas, há o favorecimento da diferenciação genética entre as populações devido aos baixos níveis de fluxo gênico. Os peixes sedentários têm maior capacidade de registrar em seu DNA os eventos vicariantes ou ecológicos aos quais são submetidos, pois a sua condição sedentária limita a sua capacidade para superar as barreiras físicas, ou fugir espacialmente de pressões ambientais impostas (LÓPEZ-FERNÁNDEZ et al., 2013).

Considerando-se os resultados obtidos por meio das demais análises e com o intuito de verificar o nível de diferenciação entre as populações de *H. malabaricus*, utilizou-se o teste de AMOVA, onde o mesmo revelou que há uma estruturação genética para estas populações, a qual é apoiada significativamente pelo índice de fixação (F_{st}) e pelos valores de $p < 0,001$. De acordo com Wright (1965), valores entre 0 e 0,05 indicam baixo nível de diferenciação genética, valores entre 0,05 e 0,25 indicam diferenciação genética moderada, e acima de 0,25 indicam elevada diferenciação. Nossos resultados permitiram inferir que as populações analisadas apresentam valores de F_{st} (0,465), sendo considerado elevado. Portanto mais um indicativo de que os espécimes das bacias analisadas estão em processo de estruturação genética, considerando-se os parâmetros adotados por Wright.

4 | CONCLUSÃO

Estudos dessa natureza são necessários, uma vez que nem sempre as mudanças ocorridas em nível molecular em uma espécie, aparecem na morfologia, o que torna fundamental a associação de estudos genéticos, citogenéticos, morfológicos e ecológicos. Os dados de diversidade e estruturação genética encontrados na presente análise em populações de *H. malabaricus* nas bacias hidrográficas maranhenses por meio da Região Controle, nos fornecem informações importantes quanto à diferenciação genética em populações desta espécie e evidenciam a ocorrência de diferentes linhagens nas bacias estudadas.

Os dados obtidos são um indicativo de que mesmo dentro de um único citótipo, como é relatado na literatura para os rios maranhenses (citótipo F), há uma grande

variação genética nos espécimes. Resultado semelhante foi detectado por Marques et al. (2013) estudando um único citótipo do rio Amazonas, reforçando a problemática taxonômica existente em *H. malabaricus*. Portanto, faz-se necessário a conservação das bacias hidrográficas em questão como forma de não perder parte da diversidade deste táxon, uma vez que o estudo mostrou grande diferenciação genética entre as populações analisadas.

REFERÊNCIAS

- ABREU – SOUZA, C. P. **Diversidade e morfométricas de *Hoplias malabaricus* (Bloch, 1794) em drenagens do estado do Maranhão**. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Maranhão – UFMA, São Luís. 2014.
- AVISE, J. C. **Molecular markers, natural history and evolution**. Sinauer Associates. 2004.
- BRITSKI, H.A.; SILIMON, K.Z.; LOPES, B.S. **Peixes do Pantanal: Manual de identificação**. Embrapa. Brasília – DF. 1999.
- BEHEREGARAY, L.B.; SUNNUCKS, P.; BRISCOE, D. A. **A rapid fish radiation associated with the last sea level changes in southern Brazil: the silverside *Odontesthes perugiae* complex**. Proceedings of the Royal Society of London B, v. 269, p. 65-73. 2002.
- BERTOLLO, L. A. C.; TAKAHASHI, C. S.; MOREIRA-FILHO, O. **Cytotaxonomic considerations on *Hoplias lacerdae* (Pisces, Erythrinidae)**. Revista Brasileira de Genética, n. 1, v. 2, p.103-120. 1978.
- BERTOLLO, L.A.C; BORN, G.G.; DERGAM, J.A; FENOCHIO, A. S; MOREIRA-FILHO, O. **A biodiversity approach in the neotropical Erythrinidae fish, *Hoplias malabaricus***. Karyotypic survey, geographic distribution of cytotypes and cytotaxonomy considerations. Chromosome Research, v. 8, p. 603-613. 2000.
- BLANCO, D. R.; LUI, L. R.; BERTOLLO, L. A. C.; DINIZ, D.; FILHO, O. M. **Characterization of invasive fish species in a river transposition region: evolutionary chromosome studies in the genus *Hoplias* (Characiformes, Erythrinidae)**. Reviews in Fish Biology and Fisheries. 2010.
- CORANDER, J.; MARTTINEN, P.; SIRÉN, J.; TANG, J. **Enhanced Bayesian modelling in BAPS software for learning genetic structures of populations**. BMC Bioinformatics, v. 9, p. 539. 2008.
- DERGAM, J. A.; SUZUKI, H. I.; SHIBATTA, O. A.; DUBOC, L. F.; JÚLIO JR; HORÁCIO, F.; GIULIANO-CAETANO, L.; BLACK, I.V.; WILLIAM, C. **Molecular biogeography of the Neotropical fish *Hoplias malabaricus* (Erythrinidae: Characiformes) in the Iguaçu, Tibagi and Paraná rivers**. Genetics and Molecular Biology, v. 21, p. 493-496. 1998.
- EXCOFFIER, L.; LAVAL, G.; SCHNEIDER, S. **Arlequin: a software for population data analysis**. Version 3.1. Geneva: University of Geneva. 2007.
- FRANKHAM, R.; BALLOU, J.R.; BRISCOE, D.A. **Introduction to Conservation Genetics**. Cambridge University Press. Cambridge, England 640pp. 2002.
- FELSENSTEIN, J. **Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap**. Evolution, v. 39, p. 783-791. 1985.
- FRICKE, R.; ESCHMEYER, W. N. **Journals**. (<http://research.calacademy.org/research/ichthyology/catalog/journals.asp>). 2012. Electronic version accessed 21/09/2012.

HALL, T. A. **BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT**. Nucleic acids symposium. Serie A. v. 41, p. 95-98. 1999.

JACOBINA, U. P.; AFFONSO, P. R. A. M.; CARNEIRO, P. L. S.; DERGAM, J. A. **Biogeography and comparative cytogenetics between two populations of *Hoplias malabaricus* (Bloch, 1794) (Ostariophysi: Erythrinidae) from coastal basins in the State of Bahia, Brazil**. Neotropical Ichthyology, v. 7, n. 4, p.617-622. 2009.

KIMURA, M. **A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences**. Journal of Molecular Evolution, v. 16, p. 111-120. 1980.

LIBRADO, P.; ROZAS, J. **DnaSPv5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data**. Bioinformatics, v. 25, p. 1451-1452. 2009.

LÓPEZ – FERNÁNDEZ, H.; ARBOUR, J. H.; WINEMILLER, K. O; HONEYCUTT R. L. **Testing for ancient adaptive radiations in Neotropical cichlid fishes**. Evolution, v. 67, p. 1321– 1337. 2013.

LUNDBERG, J. G; MARSHALL, L. G.; HORTON, B.; MALABARBA, M. C. S. L.; WESSELINGH, F. **The stage for Neotropical fish diversification: A history of tropical South American rivers**. In: Malabarba LR, Reis RE, Vari RP, Lucena ZMS, Lucena CAS, editors. Phylogeny and Classification of Neotropical Fishes. Porto Alegre: EDIPUCRS. p 13–48. 1998.

LUI, R. L.; BLANCO, D. R.; MARGARIDO, V. P.; KUHN, G. C.; GOMES, V. N.; PRIOLI, A. J.; MOREIRA-FILHO, O. **A recent transposition of river involving Paraná and São Francisco basins: Effects on the genetic variability and structure of the neotropical fish *Parauchenipterus galeatus* (Siluriformes, Auchenipteridae)**. Mitochondrial DNA, v.23, p.388-395, 2012.

MARQUES, D. F.; SANTOS, F. A.; SILVA, S. S.; SAMPAIO, I.; RODRIGUES, L. R. R. **Cytogenetic and DNA barcoding reveals high divergence within the trahira, *Hoplias malabaricus* (Characiformes: Erythrinidae) from the lower Amazon River**. Neotropical Ichthyology, v. 11, n.2, p. 459-466. 2013.

MORELLI, S. **Citogenética Evolutiva em Espécies do Gênero *Hoplias*, grupo lacerdae. Macroestrutura Cariotípica, Heterocromatina e Regiões Organizadoras de Nucléolo**. 1998. 76 p. (Tese de doutorado). São Carlos: UFSCar. 1998.

NELSON, J. S. **Fishes of the world**. 4^a ed. John Wiley & Sons, Inc. New Jersey, 600f. 2006.

OYAKAWA, O. T. **Relações Filogenéticas das Famílias Pyrrhulididae, Lebiassinidae e Erythrinidae (Osteichthyes, Characiformes) (tese)**. São Paulo (SP): Departamento de Zoologia, Instituto de Biociências, Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo, 1998.

OYAKAWA, O. T. Family Erythrinidae (Trahiras). Pp. 238- 240. In: Reis, R. E., S. O. Kullander & C. J. Ferrari Jr. (Eds.). **Check List of the Freshwater Fishes of South and Central America**. Porto Alegre, Edipucrs, 729p. 2003.

PANARARI-ANTUNES, R. S.; PRIOLI, A. J.; GOMES, V. N.; JULIO JR; AGOSTINHO H. F.; SILVA FILHO, C. S.; BONI, J. P.; PRIOLI, L. M. **Genetic divergence among invasive and native populations of *Plagioscion squamosissimus* (Perciformes, Sciaenidae) in Neotropical regions**. Journal of Fish Biology, v.80, p.2434-2447, 2012.

PAZZA, R.; JULIO JR, H. F. **Occurrence of three sympatric cytotypes of *Hoplias malabaricus* (Pisces, Erythrinidae) in Upper Paraná River floodplain (Brazil)**. Cytologia, v 68, p.159-163. 2003.

PEREIRA, T. L., SANTOS, U.; SCHAEFER, C. E.; SOUZA, G. O.; PAIVA, S. R.; MALABARBA, L. R.; SCHMIDT, E. E.; DERGAM, J. A. **Dispersal and vicariance of *Hoplias malabaricus* (Bloch, 1794) (Teleostei, Erythrinidae) populations of the Brazilian continental margin**. Journal of Biogeography,

2012: 1-10. 2012.

PEREIRA, T. L.; SANTOS, U.; SCHAEFER, C. E.; SOUZA, G. O.; PAIVA, S. R.; MALABARBA, L. R.; SCHMIDT, E. E.; DERGAM, J. A. **Dispersal and vicariance of *Hoplias malabaricus* (Bloch, 1794) (Teleostei, Erythrinidae) populations of the Brazilian continental margin.** Journal of Biogeography, v. 40, 905–914. 2013.

PERES, M. D.; ERASMO, R.; LAPENTA, A. S.; ZAWADZKI, C. H. **Genetic Variability in *Hoplias malabaricus* (Osteichthyes: Erythrinidae) in Fluvial and Lacustrine Environments in the Upper Paraná River Floodplain (Parana State, Brazil).** Biochemical Genetics, v. 40, n. 7/8, p. 209- 223. 2002.

PIORSKI, N. M.; CASTRO A. C. L.; SOUSA NETO, A. M. DE S. **Peixes do cerrado da Região sul Maranhense.** In: Barreto, L. et al, Cerrado do Norte do Brasil. North cerrado of Brasil. Pelotas: Ed. USEB,. 378 f. 2007.

RAMOS, J. V. B. **Estudo da estrutura genética de *Leporinus elongatus* (Pisces, Characiformes) no complexo Canoas – rio Paranapanema.** 2007. 85f. Tese (Mestrado em Genética e Biologia Molecular)- Universidade Estadual de Londrina, Londrina. 2007.

RODRIGUES, R.; Schneiderl, H.; Santos, S.; Vallinoto, M.; Sain-Paul, U.; Sampaio, I. **Low levels of genetic diversity depicted from mitochondrial DNA sequences in a heavily exploited marine fish (*Cynoscion acoupa*, Sciaenidae) from the Noryhern coast of Brazil.** Genetics and Molecular Biology, v. 31, n. 2, p. 487-489. 2008.

ROSSO, J. J.; MABRAGAÑA, E.; GONZÁLEZ CASTRO, M.; DÍAZ DE ASTARLOA, M. **DNA barcoding Neotropical fishes: recente advances from the Pampa Plain, Argentina.** Molecular Ecology Resources, v.12, p. 999-1011. 2012.

SABINO, J.; ZUANON, J. **A stream fish assemblage in central Amazonia: distribution, activity patterns and feeding behavior.** Ichthyological Exploration of Freshwaters, v. 8 p. 201-210. 1998.

SALZBURGER, W.; EWING, G.B.; VON HAESELER, A. **The performance of phylogenetic.** 2011.

SANGER, F.; NICKLEN, S.; COULSON, A. R. **DNA sequencing with chain-terminating inhibitors.** Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 74: 5463-5467. 1977.

SANTOS, U.; VÖLCKER, C.M.; BELEI, F.A.; CIOFFI, M.B.; BERTOLLO, L.A.C.; PAIVA, S.R.; DERGAM, J.A. **Molecular and karyotypic phylogeography in the Neotropical *Hoplias malabaricus* (Erythrinidae) fish in eastern Brazil.** Journal of Fish Biology, 75, 2326-2343. 2009.

TAMURA, K; STECHER, G; PETERSON, D; FILIPSKI, A; KUMAR, S. MEGA6: **Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0.** Molecular Biology and Evolution, v.:30, p. 2725-2729. 2013.

THOMPSON, J.D.; HIGGINS, D.G.; GIBSON, T. J. **CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, positions-specific gap penalties and weight matrix choice.** Nucleic Acids Research. n. 22, p. 4673-4680. 1994.

VICARI, M. R.; ARTONI, R. F.; BERTOLLO, L. A. C. **Comparative cytogenetics of *Hoplias malabaricus* (Pisces, Erythrinidae): a population analysis in adjacent hydrographics basins.** Genetics and Molecular Biology, v. 28, n. 1, p. 103-110. 2005.

WANG, J. T. L.; ZHANG, K; CHANG, G; SHASHA, D. **Finding approximate patterns in undirected acyclic graphs.** Pattern Recognition, v. 35, n.2, p. 473- 483. 2002.

WEITZMAN, S. H.; MENEZES, N. A.; WEITZMAN, M. J. **Phylogenetic biogeography of the**

Glandulocaudini (Teleostei: Characiformes, Characidae) with comments on the distribution of other freshwater fishes in eastern and southeastern Brazil. Proceedings of Workshop on Neotropical Distribution Patterns (ed. por P.E. Vanzolini & W.R. Heyer), 379-427. Academia Brasileira de Ciências, Rio de Janeiro, Brasil. 1988.

WRIGHT, S. **The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating.** Evolution, v. 19, p. 395-420. 1965.

SOBRE O ORGANIZADOR

Benedito Rodrigues da Silva Neto - Possui graduação em Ciências Biológicas pela Universidade do Estado de Mato Grosso (2005), com especialização na modalidade médica em Análises Clínicas e Microbiologia. Em 2006 se especializou em Educação no Instituto Araguaia de Pós graduação Pesquisa e Extensão. Obteve seu Mestrado em Biologia Celular e Molecular pelo Instituto de Ciências Biológicas (2009) e o Doutorado em Medicina Tropical e Saúde Pública pelo Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública (2013) da Universidade Federal de Goiás. Pós-Doutorado em Genética Molecular com concentração em Proteômica e Bioinformática. Também possui seu segundo Pós doutoramento pelo Programa de Pós-Graduação Stricto Sensu em Ciências Aplicadas a Produtos para a Saúde da Universidade Estadual de Goiás (2015), trabalhando com Análise Global da Genômica Funcional e aperfeiçoamento no Institute of Transfusion Medicine at the Hospital Universitätsklinikum Essen, Germany. Palestrante internacional nas áreas de inovações em saúde com experiência nas áreas de Microbiologia, Micologia Médica, Biotecnologia aplicada a Genômica, Engenharia Genética e Proteômica, Bioinformática Funcional, Biologia Molecular, Genética de microrganismos. É Sócio fundador da “Sociedade Brasileira de Ciências aplicadas à Saúde” (SBCSaúde) onde exerce o cargo de Diretor Executivo, e idealizador do projeto “Congresso Nacional Multidisciplinar da Saúde” (CoNMSaúde) realizado anualmente no centro-oeste do país. Atua como Pesquisador consultor da Fundação de Amparo e Pesquisa do Estado de Goiás - FAPEG. Coordenador do curso de Especialização em Medicina Genômica e do curso de Biotecnologia e Inovações em Saúde no Instituto Nacional de Cursos. Como pesquisador, ligado ao Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública da Universidade Federal de Goiás (IPTSP-UFG), o autor tem se dedicado à medicina tropical desenvolvendo estudos na área da micologia médica com publicações relevantes em periódicos nacionais e internacionais. arroz, milho, sorgo, plantas de cobertura e integração lavoura pecuária. E-mail para contato: alan_zuffo@hotmail.com

Agência Brasileira do ISBN
ISBN 978-85-7247-421-4

