

Título - *Title*

DIVERSIDADE DOS GENES COI E 16S EM TUBARÕES E SUA VIABILIDADE NA IDENTIFICAÇÃO GENÉTICA DE ESPÉCIES

Autores, filiação, e-mail – *Authors, filiation, e-mail*

Marcelo Linardi Niero Rocha¹, Renato H. Aché de Freitas¹, Luiz H. Fregadoli Ussami¹, Sâmia M. de Camargo¹, Fernando F. Mendonça¹, George Burgess², Claudio Oliveira¹, Fausto Foresti¹. ¹Lab. de Biologia e Genética de Peixes, Depto de Morfologia, UNESP-Botucatu; ²University of Florida, Florida Museum of Natural History, Florida Program for Shark Research; *marcelolnr@gmail.com

Resumo - *Abstract*

O aumento global do consumo de carne e subprodutos de tubarões, principalmente das nadadeiras no comércio asiático, tem promovido o aumento da pesca desses animais em grande escala gerando o colapso de vários estoques pesqueiros. O desenvolvimento de ferramentas moleculares aplicados à identificação de espécies tem se mostrado de grande importância, sobretudo para a quantificação da exploração de populações naturais, avaliação e fiscalização do comércio de espécies ameaçadas e ainda para a certificação de produtos processados. Assim, a partir da composição nucleotídica do gene Citocromo Oxidase I (COI) e do gene 16S, estão sendo identificados os sítios polimórficos característicos de cada uma das espécies de tubarões para o desenvolvimento de primers de amplificação simultânea em PCR-multiplex e caracterização de enzimas de restrição aplicáveis em PCR-RFLP. No presente estudo foram avaliadas as divergências genéticas do gene COI e 16S de dezesseis espécies de tubarões, sendo estas: *Sphyrna lewini*; *S. tudes*; *S. zygaena*; *S. mokarran*; *Carcharhinus brevipinna*; *C. falciformes*; *C. obscurus*; *C. porosus*; *C. perezi*; *C. plumbeus*; *C. signatus*; *C. leucas*; *Mustelus cannis*; *M. higmani*; *Ginglymostoma cirratum*; *Isurus oxyrinchus*. Nestas análises a divergência genética média interespecífica observada foi significativamente maior para o gene COI (12,9%) quando comparado ao gene 16S (6,2%). Em contrapartida, a distância intraespecífica média foi menor para o gene COI (0,12%) do que a observada no gene 16S (0,71%). Tais resultados sugerem uma maior viabilidade no desenvolvimento de marcadores moleculares utilizando o gene COI devido a maior distância genética entre espécies e a menor distância genética populacional. No entanto, a utilização conjunta destes dois marcadores também pode ser considerada.

Apoio - *Sponsor*

FAPESP, CNPq e CAPES

Realização

