

Título - *Title***IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR POR PCR-MULTIPLEX DAS 15 ESPÉCIES DE TUBARÕES DO GÊNERO *CARCHARHINUS* DO BRASIL**Autores, filiação, e-mail – *Authors, filiation, e-mail*

Renato Hajenius Aché de Freitas^{1*}, Marcelo Linardi Niero Rocha¹, Luiz Henrique Fregadolli Ussami¹, Fernando Fernandes Mendonça¹, George Burgess², Claudio Oliveira¹, Fausto Foresti¹. ¹Laboratório de Biologia e Genética de Peixes, Depto de Morfologia, UNESP-Botucatu; ²University of Florida, Florida Museum of Natural History, Florida Program for Shark Research; *rhafreitas@gmail.com

Resumo - *Abstract*

Tubarões são capturados pela frota pesqueira em todo mundo, particularmente devido ao alto valor de suas nadadeiras no mercado asiático e, atualmente 95% das espécies encontram-se na Lista Vermelha da IUCN. Nos desembarques pesqueiros no Brasil, 80% dos tubarões não são classificados quanto à espécie e a maioria dos outros 20% recebem apenas o nome popular. Destes, o gênero *Carcharhinus* é o mais especioso no Brasil e apresenta alto interesse econômico, entretanto as espécies são muito similares, dificultando a identificação. Além disso, a prática comum da retirada das nadadeiras e cabeça antes do desembarque compromete ainda mais essa identificação. Recentemente, o gene citocromo oxidase I (COI) tornou-se importante em facilitar o processo de identificação de espécies. Associado com as características deste gene, a PCR-Multiplex permite a identificação de espécies de forma simultânea, rápida e com baixos custos, porém depende de *primers* espécie-específicos. Assim o presente estudo avaliou a viabilidade do desenvolvimento desses *primers* para todas as 15 espécies do gênero *Carcharhinus* que ocorrem em águas brasileiras, através das análises de divergências genéticas e polimorfismos populacionais. Utilizamos amostras de espécimes capturados e identificados, bem como amostras oriundas de apreensões de nadadeiras realizadas pelo Ibama. Nossas análises contemplaram somente sequências que apresentaram mais que 98% de grau de similaridade através do site do “Barcode of Life Database” (BOLD). Também utilizamos algumas sequências do BOLD para completar e comparar com nosso banco de dados. A divergência genética média entre os indivíduos foi de 0,16% e a interespecífica foi de 4,3%. Assim, os baixos valores de divergência genética intraespecífica e valores maiores que 2% de divergência interespecífica associada à presença de 39 sítios polimórficos espécie-específicos viabilizam a síntese de *primers* para discriminar essas espécies por PCR-Multiplex. Eventualmente técnicas de PCR-RFLP (“Restriction Fragment Length Polymorphism”) também podem ser utilizadas. Esses e outros *primers* espécie-específicos irão contribuir tanto para uma estatística pesqueira mais precisa quanto na identificação de nadadeiras.

Apoio - *Sponsor*

FAPESP, CNPq e CAPES