

Análises da diversidade críptica de *Hyalella* sp. Coletadas em diferente microhabitats

Luciane C. de Souza^{1,2}, Luana B. Trentin^{1,2}, Daniela S. Castiglioni¹, Marícia F. D'Ávila², Daniel A. S. Graichen^{1,2}.

1. Curso de Ciências Biológicas, UFSM, Palmeira das Missões – RS. lucianechiuza@gmail.com

2. Laboratório de Genética Evolutiva, Centro de Educação Superior Norte do RS, UFSM, Palmeira das Missões - RS

Palavras Chave: *Hyalella*, COI, DNA Barcoding.

Introdução

Mais de dez espécies de crustáceos anfípodos do gênero *Hyalella* são conhecidas no Brasil. Apesar disso, a diversidade encontrada provavelmente subestimada. Espécies de *Hyalella* são encontradas em uma ampla variedade de habitats de água doce, muitas vezes agregando-se à vegetação, nadando na água, ou em tocas no sedimento, e constituem importantes elos na cadeia alimentar, servindo para transferir a energia do recurso básico (detritos e algas) para consumidores de nível superior. A estrutura das comunidades naturais, a riqueza e a diversidade de espécies, e as interações entre eles tem profundas implicações no funcionamento do ecossistema, modulando os fluxos de energia entre os ambientes. Por métodos morfológicos, foram previamente identificados quatro tipos morfológicos associados a diferentes micro habitats. No entanto, devido à sobreposição de alguns caracteres diagnósticos, estes morfotipos não poderiam ser classificados como espécies distintas. Por esta razão, este estudo utilizou-se de uma nova abordagem molecular, o DNA barcoding, para identificar espécies do gênero *Hyalella*. Trata-se de um método moderno de identificação e estudo de diversidade de espécies utilizando um pequeno trecho de DNA de uma região conhecida do genoma.

O objetivo deste estudo é identificar por métodos morfológicos e moleculares espécimes de *Hyalella* coletadas em quatro pontos diferentes nas regiões centro e norte do Rio Grande do Sul

Resultados e Discussão

Até agora, foram amostrados diferentes morfotipos agrupados no mesmo corpo de água, que deveriam pertencer a um mesmo. Todos os produtos de amplificação resultantes apresentaram um único fragmento de 960 pb, conforme esperado para a técnica, evidenciando que o par de iniciadores utilizados nesta abordagem por barcoding pode ser usado para a taxonomia molecular deste gênero.

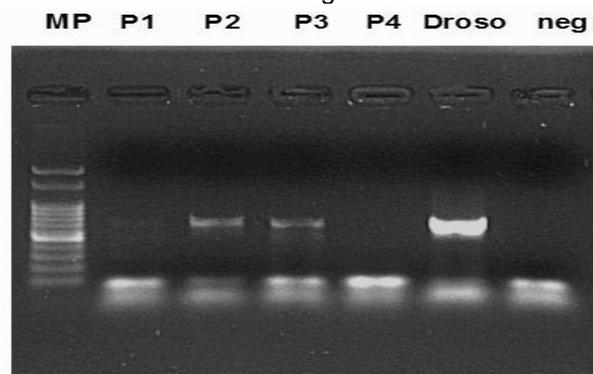


Figura 1. Amplicons do Gene Citocromo Oxidase Subunidade I – COI nas amostras de *Hyalella* de diferentes localidades obtido pelo método DNA Barcoding.

A análise por sequenciamento automático dos fragmentos confirmou a identidade do gene e análises das distâncias genéticas estão sendo realizadas na medida em que as reações de sequenciamento vão sendo executadas. Até agora, os nossos dados indicam grande variabilidade dentro do gênero de *Hyalella*. A ocorrência de espécies crípticas de vários gêneros é bem documentada e reflete padrões de especiação recentes

Assim, espécies do gênero *Hyalella*, devido às características já mencionadas, emergem como um importante modelo para a compreensão da especiação em ambientes aquáticos na região Neotropical.

Além disso, a utilização do método molecular DNA barcoding para identificar novas espécies de *Hyalella* no Brasil ainda é recente e raramente utilizado, o que nos leva a sugerir que a diversidade e a riqueza de espécies são, de fato, subestimadas.

Conclusões

Os resultados obtidos com o presente projeto visam subsidiar o planejamento, estabelecimento, acompanhamento e avaliação de alterações ambientais, de políticas conservacionistas e de manejo dos ambientes de água doce da região noroeste do Estado do Rio Grande do Sul. É importante ressaltar que atualmente existem poucas unidades de Conservação - como a Reserva Biológica do Ibicuí-Mirim e o Parque Estadual do Papagaio Charão- em uma região importante do Brasil, que se caracteriza por ser uma área de transição entre os biomas Pampa e Mata Atlântica.

Agradecimentos

Apoio financeiro: FIPE-UFSM.