

## DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE *HEMICARANX AMBLYRHYNCHUS* NAS REGIÕES NORTE E SUDESTE DO BRASIL

Júlia Vitória dos Santos Rodrigues<sup>1</sup>  
Giovanna Paes e Santos<sup>2</sup>  
Letícia Batista Soares<sup>3</sup>  
Luís Ricardo Ribeiro da Silva<sup>4</sup>  
Isabel Luiza de Melo Nunes Freire Lima<sup>5</sup>  
Claudio de Oliveira<sup>6</sup>

### RESUMO

A família Carangidae está distribuída ao longo dos oceanos Atlântico, Índico e Pacífico, e atualmente contém cerca de 150 espécies. Um dos representantes notáveis dessa família é a espécie *Hemicaranx amblyrhynchus* (Cuvier, 1833). Um estudo preliminar, utilizando 8 sequências do gene COI, demonstrou, através da árvore de Neighbour-Joining (NJ), que *H. amblyrhynchus* se agrupa em um cluster, compreendendo espécimes encontrados na região litorânea Norte e Sudeste do Brasil. A divergência genética intraespecífica de *H. amblyrhynchus* na região Norte e Sudeste do Brasil foi de 0,2%. Porém trabalhos utilizando outros marcadores moleculares como o gene D-Loop, tem demonstrado uma estruturação populacional de divergências genéticas maiores entre os táxons. Portanto, o objetivo do presente estudo é realizar uma avaliação genética dentro da população de *H. amblyrhynchus*. Foram utilizadas sequências obtidas de cerca de 8 pontos de sua distribuição ao longo da costa do Brasil e foi realizada a extração do DNA genômico através do kit Promega e em seguida foi efetuada a amplificação de regiões específicas do DNA mitocondrial pelo método de PCR. Sequências parciais de citocromo c oxidase subunidade I foram obtidas com os primers forward nomeados provisoriamente de D-Loop F6 e o primer reverse D-Loop R6, geradas e analisadas por distância genética, máxima verossimilhança. A matriz final apresentou 22 sequências de *H. amblyrhynchus*, com um total de 962 pb das quais 866 posições eram conservadas e 91 variáveis. Alterações sequenciais do tipo stopcodons,

<sup>1</sup>Graduando do Curso de Ciências Biológicas da Universidade Estadual Paulista - UNESP, [julia.v.rodrigues@unesp.br](mailto:julia.v.rodrigues@unesp.br);

<sup>2</sup>Graduando pelo Curso de Ciências Biológicas da Universidade Estadual Paulista - UNESP, [paes.e@unesp.br](mailto:paes.e@unesp.br);

<sup>3</sup>Mestrando do Curso de Genética da Universidade Estadual Paulista - UNESP, [leticia.b.soares@unesp.br](mailto:leticia.b.soares@unesp.br);

<sup>4</sup>Doutorando pelo Curso de Zoologia da Universidade Estadual Paulista - UNESP, [lrr.silva@unesp.br](mailto:lrr.silva@unesp.br);

<sup>5</sup>Doutoranda pelo Curso de Genética e Melhoramento Animal da Universidade Estadual Paulista - UNESP, [isabel.lima@unesp.br](mailto:isabel.lima@unesp.br);

<sup>6</sup>Professor Orientador: Professor titular, Departamento de Biologia Funcional e Estrutural do Instituto de Biociências - UNESP, [claudio.oliveira@unesp.br](mailto:claudio.oliveira@unesp.br).

deleções e inserções não foram observadas. A matriz de distância genética K2P demonstrou um valor de variação genética de 2,6 % entre a espécie *H. amblyrhyncus* da região do estado do Pará e as espécies da região do estado de São Paulo, o que é corroborado pela árvore de máxima verossimilhança separando as espécies em dois clados distintos.

**Palavras-chave:** Actinopterygii, Diversidade genética, taxonomia.