

anacypriano@yahoo.com.br

Palavras chave: baleias-jubarte, PCR, íntrons, iniciadores universais, diversidade genética, fibrinogênio

Souza, ALC¹; Lima-Rosa, CA^{1,2}; Engel, MH³ & Bonatto, SL¹¹Centro de Biologia Genômica e Molecular, Faculdade de Biociências, Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul;²Departamento de Genética, Universidade Federal do Rio Grande do Sul; ³Instituto Baleia Jubarte.

A amplificação de seqüências de íntrons utilizando iniciadores heterólogos de vertebrados em baleias-jubarte (*Megaptera novaeangliae*) do Banco dos Abrolhos

As baleias-jubarte (*Megaptera novaeangliae*) são encontradas em todos os oceanos do mundo. Elas realizam migrações entre as altas latitudes, onde se alimentam durante o verão, e as baixas latitudes, onde acasalam e têm seus filhotes durante os meses de inverno. A principal área de reprodução da espécie no Oceano Atlântico Sul Ocidental está localizada no Banco dos Abrolhos (16°40' – 19°30'S e 37°25' - 39°45'W), ao sul da Bahia. O conhecimento da estrutura genética populacional é de suma importância para definir estratégias adequadas de proteção e manejo das populações de cetáceos. Estudos recentes de estrutura de população e diversidade genética têm usado como ferramentas amplificações por PCR (reação em cadeia da polimerase), seqüenciamentos de fragmentos de DNA e análises filogenéticas de alelos para detectar e interpretar a variação dentro de populações naturais. Introns nucleares podem fornecer polimorfismo usando iniciadores universais, que não requerem conhecimento prévio do genoma a ser analisado e que anelam a exons de genes altamente conservados. Os introns são fáceis de amplificar por PCR, evoluem mais devagar do que mtDNA, mas mais rapidamente do que exons nucleares, são codominantes e seletivamente neutros. O presente trabalho tem como objetivo testar alguns iniciadores heterólogos de vertebrados para *Megaptera novaeangliae* para futuro estudo de diversidade genética. Para isto foram utilizados iniciadores de PCR para 8 introns (intron 2 da mioglobina, introns 5 e 7 do β -fibrinogênio, intron 8 da α -enolase, intron 11 da gliceraldeído-3-fosfato-desidrogenase, intron R35, intron 1 e 2 da proteína ribossomal S7 e intron 3 da cadeia leve da miosina) comumente usados para estudos evolutivos de aves, peixes e répteis. Inicialmente foram estudados 14 indivíduos de baleias-jubarte do Banco dos Abrolhos. Os introns 7 do β -fibrinogênio e 8 da α -enolase amplificaram para 14 e 8 indivíduos respectivamente. Até o momento analisamos a seqüência de 637 bp do intron 7 do β -fibrinogênio em 11 indivíduos, não tendo sido encontrado nenhum sítio polimórfico. O resultado sugere duas hipóteses, que esse intron tem pouca variação ou que essa população tem pouca variabilidade. Entretanto, para esse intron foi encontrada uma variação de aproximadamente 2%, com 7 sítios polimórficos, entre *Megaptera novaeangliae* e *Balaenoptera physalus* do GenBank. O único estudo populacional de baleias-jubarte utilizando introns nucleares foi com o intron 1 da actina (1409 bp), o qual resultou em 17 sítios polimórficos entre 10 indivíduos, além de uma distância de 3% com a baleia-azul. As hipóteses serão testadas com a análise de mais indivíduos da população além de outros introns. Se forem variáveis seus iniciadores poderão ser utilizados em estudos de diversidade genética também em outras espécies de cetáceos. ■

Apoio Financeiro: FAPERGS e CNPq.