

# IX ENEPEX/ XIII EPEX-UEMS E XVII ENEPE-UFGD

## DIVERSIDADE GENÉTICA DO CLADO *RHINELLA MARINA* (ANURA, BUFONIDAE) AO LONGO DA BACIA PLATINA

UEMS- Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul

UNaM- Universidad Nacional de Misiones

Área temática: Biologia Molecular

SUAREZ, Kariny Penha<sup>1</sup> ([karinypsuares@gmail.com](mailto:karinypsuares@gmail.com)); LIMA-JUNIOR, Sidnei Eduardo<sup>2</sup> ([selimajunior@hotmail.com](mailto:selimajunior@hotmail.com)); BALDO, Diego<sup>3</sup> ([diegobaldo@gmail.com](mailto:diegobaldo@gmail.com))

1- Discente do curso de Ciências Biológicas Bacharelado UEMS

2- Docente do curso de Ciências Biológicas UEMS

3- Docente no curso de Genética Licenciatura, UNaM

### RESUMO:

Análises moleculares impactaram fortemente os estudos taxonômicos sobre concepção e delimitação de espécies. Estas têm sido fundamentais para compreendermos os mecanismos evolutivos de diversificação e para detectar o fluxo gênico entre populações. Com análises de frequência alélica em marcadores multilocus, por exemplo, pesquisadores conseguem delimitar espécies com potencial ou presença/frequência de variabilidade genética intraespecífica. Entre os diversos mecanismos, a hibridação introgressiva é um processo natural, compondo os processos evolutivos e modificando os genes com o tempo. No grupo *Rhinella*, temos registros de indivíduos de *Rhinella crucifer* dentro do grupo *R. marina*, uma extensa introgressão unidirecional entre *R. diptycha* e em algumas populações de *R. marina* recentemente encontrou-se evidências de introgressão mitocondrial e hibridização entre *R. diptycha* e *R. marina* na parte sul do rio Amazonas. Dado as incertezas filogenéticas e, conseqüentemente, sistemática presente no gênero *Rhinella*, e em especial no grupo de *R. marina*, neste trabalho temos como objetivo analisar a diversidade genética do grupo *Rhinella marina*, que engloba as espécies *R. arenarum*, *R. mendocina*, *R. rubescens*, *R. cerradensis*, *R. ictérica* e *R. achavali* oriundos do Brasil, Argentina, Uruguai e Equador. A extração de DNA genômico e mitocondrial foi feita com a técnica fenol-clorofórmio. A técnica de PCR empregada teve o objetivo de amplificar o segmento mitocondrial (16S). Para o preparo da reação de amplificação tivemos: 3,0 µL de dNTPs 0.2 mM, 0,7 µL de primer R e F 0.2 mM, 2,4 µL de MgCl 2 mM, 1 unidade de Taq polymerase (0,2 µl), e 1 µL de amostra de DNA, em reação com um volume total 30 µL. Após resultado dos sequenciamentos, o tratamento e o alinhamento das seqüências cruas foi feito no programa Geneious v 7.1.3. Árvores filogenéticas foram estimadas para os genes mitocondriais no programa BEAST 1.8. Árvores de clados de maior credibilidade foram geradas com o software TreeAnnotator, integrante do mesmo pacote BEAST.. Checamos a estacionariedade da cadeia e o tamanho efetivo amostral (ESS≥200) com o auxílio do programa Tracer 1.6. Encontramos em nossos resultados 4 agrupamentos originados durante do Quaternário, sendo: 1) Oeste da Amazônia; 2) Sul dos Andes; 3) Oeste do Cerrado; e 4) Leste do Cerrado. Estes grupos estão distribuídos em fitofisionomias que apresentam história evolutiva semelhante, compartilhando os mesmos eventos geomorfológicos. Durante o Quaternário nosso continente passou por diversas mudanças geoclimáticas, como o soerguimentos dos Andes, do Planalto Central e flutuações climáticas que resultaram na união da Caatinga com o Cerrado e o Chaco, e conseqüentemente separaram a Mata Atlântica da Amazônia. Devido a estes processos, as espécies tendem a passar por diferenciação e a gerar novas espécies, pois o fluxo gênico entre as populações diminui.

Palavras-chave: Biogeografia; Lagartos; Amazônia; Mata Atlântica

Agradecimentos: Agradeço ao apoio da UEMS durante o ciclo 2022/2023 e ao Dr. Diego José Santana pela ajuda na elaboração deste trabalho