**COMPARAÇÃO ENTRE DUAS POPULAÇÕES DE *Conorhynchos conirostris* via macadores moleculares issr.**

**José Rodrigo Lírio Mascena1\*; Claudivane de Sá Teles Oliveira2; Ricardo Franco Cunha Moreira3; Soraia Barreto Aguiar Fonteles4.**

1rodrigo\_mascena@hotmail.com. Discente do Curso de Engenharia de Pesca/UFRB; 2teles.nane@gmail.com Discente do Curso de Engenharia de Pesca/UFRB; 3ricardofcm@gmail.com Docente do Curso de Engenharia de Pesca/UFRB; 4soraiafonteles@gmail.com Docente do Curso de Engenharia de Pesca/UFRB.

**RESUMO**

*Conorhynchos conirostris* é considerada símbolo do rio São Francisco por ser endêmica da bacia e monoespecífica, pertence à ordem siluriforme e é popularmente conhecido como pirá-tamanduá. Este trabalho teve como objetivo comparar geneticamente duas populações de *C. conirostris* via marcadores moleculares ISSR. Foram coletados 32 exemplares de pirá-tamanduá (*C. conirostris*), 23 do rio Paracatu, no estado de Minas Gerais, e 9 do rio São Francisco, próximo a cidade de Xique-xique, no estado da Bahia. Foram coletados porções da nadadeira caudal de todos os exemplares amostrados. Após a coleta dos tecidos o material foi levado para Laboratório de Genética de Organismos Aquáticos (LAGOA) da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB), onde ocorreram as extrações de DNA. O DNA total de todos os exemplares amostrados foi extraído de acordo com o protocolo fenol: clorofórmio. Os *primers* (GGAC)4C, (GGAC)4T, (AACC)4, (GGAC)4 e (AAGG)4 amplificaram na temperatura de 52° para a espécie. Através das visualizações dos géis de agorase 2% foi possível a obtenção de uma matriz de dados binários. Os indivíduos foram analisados com base em 75 locus obtidos por meio dos 5 *primers* ISSR analisados. A matriz de dados binários foi base para o cálculo de índice de similaridade genética entre todos os 32 indivíduos do estudo. A relação de similaridade genética revelada pelo índice de Jaccard entre os indivíduos do estudo permitiu a construção de um dendrograma. O valor médio de similaridade encontrado entre todas as comparações foi de 0,45. O maior valor de similaridade (0,88) foi entre os indivíduos 18 e 19 do rio Paracatu, MG e o menor valor (0,07) foi encontrado entre os indivíduos 6 e 17 do mesmo local. Através da matriz de dados de similaridade foi realizado analise de coordenadas principais que resultaram em dois grupos distintos coincidindo com o local de captura. Os dados obtidos apresentaram dois grupos distintos: o grupo 1 foi composto por espécimes de Xique-xique, BA, enquanto o grupo 2 se formou com indivíduos do rio Paracatu, MG. Os indivíduos apresentaram um bom índice de similaridade, e a população amostrada do rio Paracatu, exibiu o maior e menor índice de similaridade de dois espécimes de *C. conirostris*. As duas populações estudadas apresentaram similaridade genética intrapopulacional e diferenças interpopulacionais entre os indivíduos coletados nas duas localidades, mesmo a espécie sendo migratória esta diferença genética pode ser explicada pela quantidade de barramentos existentes entre os locais amostrados e distância geográfica entre as populações.

**Palavras-chave:** Pimelodidae, endêmismo, PCR.

**Apoio:** FAPESB