**CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA De reprodutores DE** *Colossoma macropomum* **CULTIVADoS EM ESTAÇão DE PISCICULTURA DA BAHIA PESCA, BAHIA.**

**Claudivane de Sá Teles Oliveira¹\*, Joemille Silva dos Santos²; Leydiane da Paixão Serra²; Soraia Barreto Aguiar Fonteles³; Ricardo Franco Cunha Moreira³; Norma Suely Evangelista Barreto³.**

1[teles.nane@gmail.com](mailto:teles.nane@gmail.com). Mestranda em Cincia Animal- UFRB. ²[joemillesantos@hotmail.com](mailto:joemillesantos@hotmail.com); [leydianeserra@hotmail.com](mailto:leydianeserra@hotmail.com) graduandas em Engenharia de Pesca-UFRB. ³ [soraiafonteles@gmail.com](mailto:soraiafonteles@gmail.com);[ricardofcm@gmail.com](mailto:ricardofcm@gmail.com) ;[nsevangelista@yahoo.com.br](mailto:nsevangelista@yahoo.com.br). Docente UFRB.

**RESUMO**

*Colossoma macropomum*, popularmente conhecido como tambaqui, é umaespécie de peixe nativa da região neotropical brasileira que se destaca na aquicultura nacional como maior espécie nativa cultivada. Tal espécie é de grande importância na piscicultura sendo a segunda espécie mais distribuída pela estatal Bahia Pesca/SA. O presente trabalho realizou a caracterização genética de uma população de tambaqui (*C. macropomum)*, cultivada pela empresa Bahia Pesca na Estação JoanesII(Camaçari) objetivando o monitoramento do estoque reprodutor com a finalidade de elaborar estratégias de manejo.Analisou-se um total de 30 indivíduos coletados aleatoriamente no plantel de reprodutores da estação de piscicultura utilizando tecidos de baixo risco (porção da nadadeira caudal). O protocolo utilizado para extração de DNA foi o Fenol-clorofórmio. O material resultante do processo de extração foi levado ao espectrofotômetro do modelo *BioSpectrometer de Eppendorf* para medir a concentração e volume das amostras. Depois de quantificadas, foram utilizados cinco iniciadores de ISSR (*Inter Simple Sequence Reapets*), (GA) 8YT, (GGAC)4, (GGAT)4, (AAGC)4 e (CT)8RA.Os resultados adquiridos a partir da visualização dos padrões de bandas fornecido pelos marcadores moleculares ISSR, foram transformados em matriz numérica binária com presença (1) e ausência de banda (0). A partir desta foi realizado o agrupamento de similaridade pelo método das médias não ponderadas das distâncias gênicas (*UPGMA-Unweighted Pair Group Method* Averages) e obtido os agrupamentos hierárquicos das análises. Avaliou-se também o grau de similaridade entre os indivíduos da população com base no coeficiente de Jaccard com auxílio do programa Darwin 6.0. O programa POPGENE também foi utilizado para estimar o nível de diversidade genética. Pelas comparações realizadas averiguou-se as relações de parentesco entre os indivíduos de *C. macropomum* observando-se a formação de 3 grupos. Os indivíduos 25 e 30 (0,4500) apresentaram os genótipos mais distantes e os indivíduos 5 e 11 (0,071) mostraram genótipos mais próximos. Foram obtidos os seguintes parâmetros de diversidade genética: percentagem de bandas polimórficas foi de 63,64%, Índice de Shannon 0,3083, o número de migrante por geração foi baixo (2,3). Com os resultados moleculares pode-se evidenciar que os organismos estudados apresentam baixa variabilidade genética e baixa diferenciação e distancia genética entre si, fazendo necessário a introdução de novos indivíduos com alta variabilidade e adoção de metodologias que venham a subsidiar a melhoria desde plantel.

**Palavras-chave:** Aquicultura;Tambaqui;Variabilidade genética.

**Apoio:** FAPESB, BAHIA PESCA/SA