

## ESTUDO CITOGENÉTICO EM DUAS ESPÉCIES DO GÊNERO *Hypostomus* (HYPOSTOMINAE, LORICARIIDAE) DA BACIA DO ALTO RIO PARANÁ

Samuel Garcia Mello Dyna (PIBIC/CNPq/UEM), Daniela Rodrigues, Carlos Alexandre Fernandes (Coorientador), Fernanda Errero Porto Saparolli (Orientadora).  
E-mail: [fepsaparolli@uem.br](mailto:fepsaparolli@uem.br)

Universidade Estadual de Maringá, Centro de Ciências Biológicas, Maringá, PR.

**Área e subárea do conhecimento: Ciências Biológicas /Genética Animal**

**Palavras-chave:** *Hypostomus*; citogenética; Ag-NOR.

### RESUMO

Este estudo tem por objetivo a caracterização citogenética de duas espécies do gênero *Hypostomus*, coletadas em rios da bacia do Paraná, através das técnicas de giemsa, Ag-NOR e bandamento-C. As duas espécies mostraram diferenças citogenéticas, em *H. ancistroides* o número diplóide foi de  $2n=68$  cromossomos distribuídos em  $14m+15sm+10st+30a$  e número fundamental (NF) igual a 108, *H. regani* apresentou  $2n=72$  cromossomos e a fórmula cariotípica de  $10m+12sm+10st+40a$  (NF: 104). O sistema de NOR detectado diferiu nas duas espécies, sendo múltiplo em *H. ancitroides* e simples em *H. regani*. Em *H. ancitroides* a banda C foi positiva para a NOR e em *H. regani* distribui-se nos telômeros. Os dados apresentados são discutidos.

### INTRODUÇÃO

Hypostominae é uma das subfamílias de Loricariidae com maior número de espécies. Do ponto de vista filogenético apesar do grupo ser monofilético, existem vários conflitos, sobretudo no gênero *Hypostomus*, apresenta conflitos taxonômicos devido a problemas na identificação, a existência de espécies crípticas, e até mesmo a ocorrência de complexo de espécie em alguns táxons deste gênero o que tem dificultando a identificação de espécies (BUENO, *et al.*, 2012). Deste modo, a integração de técnicas citogenéticas e moleculares têm contribuído de forma significativa como ferramentas auxiliares para compreensão da sistemática e filogenia do gênero.

As análises citogenéticas em Hypostominae foram conduzidos em onze sendo que o gênero *Hypostomus* é o mais estudado citogeneticamente, mostrando complexa evolução cariotípica (RUBERT *et al.*, 2011; BUENO *et al.*, 2012). Assim, o presente estudo tem por objetivo a análise de duas espécies do gênero *Hypostomus* pertencente a bacia do Alto Paraná.

### MATERIAIS E MÉTODOS

Foram coletadas espécimens dos gêneros *Hypostomus regani* pertencentes ao Rio Paraná e *Hypostomus ancistroides* encontrados no córrego Itiz (sub-bacia do rio Ivaí, bacia do Paraná).

Os cromossomos mitóticos foram obtidos a partir de células do rim e submetidos a coloração convencional com giemsa. As regiões organizadoras do nucléolo foram caracterizadas segundo a técnica de impregnação por nitrato de prata (Ag-NOR), descrita por Howell e Black (1980). Para o estudo da heterocromatina constitutiva (banda-C) os cromossomos mitóticos foram submetidos a técnica de Sumner (1972). As metáfases obtidas pelas técnicas de citogenética convencional foram analisadas em microscópio óptico (Olympus) e fotografadas em fotomicroscópio Zeiss Axioskop 40. Os cromossomos foram identificados de acordo com os critérios de relação de braços (RB).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

O presente estudo apresenta dados citogenéticos de duas espécies de *Hypostomus*, mostrando diferenças entre as espécies com relação ao número diplóide, fórmula cariotípica, número fundamental, além de diferenças nos padrões de NOR e banda-C. Em *H. ancistroides* o número diploide foi igual a  $2n=68$  e sua fórmula cariotípica foi de  $14m+15sm+10st+30a$  e número fundamental (NF) igual a 108, enquanto em *H. regani* apresentou o número diploide  $2n=72$  e a fórmula cariotípica de  $10m+12sm+10st+40a$  e NF: 104. Embora essas diferenças entre as espécies fossem esperadas, observa-se que tanto para *H. ancistroides* quanto *H. regani* o número diplóide foi similar a outras populações já caracterizadas citogeneticamente (RUBERT, *et al.*, 2011; BUENO, *et al.*, 2012). Por outro lado, observou-se divergência na fórmula cariotípica quando se compara os dados cariotípicos do presente estudo, com outras populações já estudadas (RUBERT, *et al.*, 2011; BUENO, *et al.*, 2012). Esta é uma divergência que tem sido atribuída aos rearranjos cromossômicos, tais como fissões cêntricas e inversões pericêntrica que possivelmente mais aturam na evolução cariotípica das diferentes populações de *Hypostomus* (RUBERT, *et al.*, 2011; BUENO, *et al.*, 2012).

A análise da região organizadora de nucléolo (NOR), foi possível observar que em *H. ancistroides* as marcações foram múltiplas apresentando quatro cromossomos e caracterizando um sistema de NOR múltipla. Em outras populações de *H. ancistroides* já estudadas citogeneticamente, o sistema de NOR múltipla também foi detectado e considerado apomórfico para o gênero *Hypostomus*, mostrando que a quantidade de cromossomos contendo esse marcador variou de 3 a 8 cromossomos nas diferentes populações desta espécie (ARTONI e BERTOLLO, 2001; RUBERT, *et al.*, 2011). Em *H. ancistroides* do presente estudo, a técnica de banda C detectou poucos segmentos de heterocromatina constitutiva distribuídos principalmente na região pericentromérica de cromossomos acrocêntricos, além disso, foi banda C positiva pra regiões da NOR. Sistema de NOR múltipla também foi observado em todas as populações dessa espécie (RUBERT, *et al.*, 2011).

Em *H. regani* as marcações de Ag-NOR foram localizadas em dois cromossomos, provavelmente pares, e, portanto, sendo detectado um sistema de NOR simples que é considerado pleiomórfico para gênero *Hypostomus* (ARTONI e BERTOLLO, 2001). Em outras populações de *H. regani* a NOR frequentemente foi múltipla, e, portanto, o presente estudo mostrou dados divergentes da literatura. Além disso, não foi possível afirmar que ocorreu a associação entre as regiões de NOR e a heterocromatina constitutiva, sendo que o bandamento C em *H. regani*, revelou marcações conspícuas localizadas na região telomérica e pericentromérica de alguns cromossomos.

## CONCLUSÕES

Deste modo, a caracterização citogenética de duas populações de *Hypostomus* descrita no presente estudo, contribui para compreensão dos aspectos carioevolutivos nessas espécies, bem como, serve de auxílio em estudos taxonômicos e filogenéticos.

## AGRADECIMENTOS

Agradeço ao CNPq, UEM, meus professores, orientadores, a todos os integrantes do laboratório de citogenética de peixes e também agradeço a minha família.

## REFERÊNCIAS

- ARTONI R. F.; BERTOLLO L. A. C. Trends in the karyotype evolution of Loricariidae fish (Siluriformes). **Hereditas**, 134: 201–210, 2001.
- BUENO, V.; ZAWADZKI, C. H.; MARGARIDO, V. P. Trends in chromosome evolution in the genus *Hypostomus* Lacépède, 1803 (Osteichthyes, Loricariidae): a new perspective about the correlation between diploid number and chromosomes types. **Rev Fish Biol Fish**. 22: 241-250, 2012. DOI:10.1007/s11160-011-9215-9.
- HOWELL, W. M.; BLACK, D. A. Controlled silver of Nucleolus Organizer Regions with a protective colloidal developer: a 1-step method. **Experientia**, 36:1014-1015, 1980.
- RUBERT, M.; ROSA, R.; JEREP, F. C.; BERTOLLO, L. A. C.; GIULIANO-CAETANO, L. Cytogenetic characterizations of four species of the genus *Hypostomus* Lacépède, 1803 ((Siluriformes, Loricariidae) with comments on its chromosomal diversity. **Comp Cytogen**. 5(5): 397-410, 2011. DOI: 10.3897/CompCytogen.v.5i5.1589.
- SUMMER, A. T. A. Simple technique for demonstrating centromeric heterochromatin. **Experimental Cell Research**, 75:304-306, 1972.