



MONITORAMENTO DE ESPÉCIE EXÓTICA NO RIO ARAGUAIA: VALIDAÇÃO DE MARCADOR PARA *Colossoma macropomum* Cuvier, 1816 (SERRASALMIDAE)

Ana Carolina Martins Brandão¹, Diego Ortiz da Silva¹, Cíntia Pelegrineti Targueta²,
Leonardo Carlos Jeronimo Corvalán¹, Fabrício Barreto Teresa³, Mariana Pires de Campos
Telles^{1,4}

¹ Universidade Federal de Goiás, Instituto de Ciências Biológicas, Goiânia, Goiás, Brasil

² Universidade Federal de Goiás, Escola de Veterinária e Zootecnia., Goiânia, Goiás, Brasil

³ Universidade Estadual de Goiás, Anápolis, Goiás, Brasil

⁴ Pontifícia Universidade Católica de Goiás, Escola de Ciências Médicas e da Vida, Goiânia, Goiás, Brasil

E-mail: brandao@discente.ufg.br

O tambaqui (*Colossoma macropomum*) é uma espécie nativa das bacias Amazônica e do Orinoco, introduzida na bacia do rio Araguaia, sendo considerada uma espécie exótica na região. Devido ao potencial de causar desequilíbrios ecológicos significativos pela sua introdução, é importante a utilização de ferramentas eficientes e rápidas para o seu monitoramento. Este estudo teve como objetivo testar *primers* espécie-específicos para a detecção de tambaqui em amostras de DNA ambiental (eDNA), com foco na precisão molecular e na aplicação em monitoramento não invasivo da espécie. Inicialmente, foram obtidos em bancos de dados públicos genomas mitocondriais completos de espécies da família Serrasalminidae, os quais foram alinhados para a identificação de regiões exclusivas do tambaqui. A partir de uma sequência curta localizada na região D-loop, foram desenhados 16 *primers* no programa *Primer3web*, posteriormente avaliados *in silico* no programa *openPrimerR* quanto a parâmetros estruturais e de anelamento, sendo os mais promissores selecionados para validação experimental (6 conjuntos finais). A etapa experimental foi realizada com amostras de tecido de indivíduos provenientes do rio Araguaia, submetidas à extração de DNA e amplificação por *PCR* sob diferentes condições de temperaturas de anelamento, concentrações de reagentes e protocolos de amplificação. Os produtos de *PCR* foram avaliados por eletroforese em gel de agarose e sequenciados pelo método de *Sanger* para confirmar a região sequenciada utilizando confrontamento pelo *BLAST*. Como resultado, alguns *primers* apresentaram amplificação consistente e de alta especificidade, com identidade superior a 94% e cobertura de até 100%. Contudo, observou-se uma variação na eficiência de amplificação, possivelmente associada às condições da *PCR* e à qualidade do DNA, resultando em bandas inespecíficas ou de baixa intensidade para alguns *primers*. Ainda assim, a confirmação por sequenciamento reforça o potencial dos *primers* para detecção de DNA de tambaqui por eDNA, contribuindo para o monitoramento rápido e escalonável na bacia do Araguaia.

Palavras-chave: Bacia do Araguaia; Espécie invasora; Identificação; Monitoramento; *Primers*.



Financiamento: Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia em Ecologia, Evolução e Conservação da Biodiversidade (INCT-EECBio - CNPq – Processo: 409197/2024-6). O programa “Araguaia Vivo 2030”, executado pela *Tropical Water Research Alliance (TWRA)* e financiado pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Goiás (FAPEG) (proc. n.º 202210267000536)” e do PPBIO Araguaia: Ecologia Molecular e Dimensões da Biodiversidade, financiado pelo CNPq (proc.: 441114/2023-7).