

## DISTRIBUIÇÃO DE MARCADORES SSR TETRA, PENTA E HEXANUCLEOTÍDEO NO GENOMA DA TILÁPIA

WELINTON SCHRÖDER REINKE<sup>1</sup>; SUZANE FONSECA FREITAS<sup>2</sup>; RAFAEL ALDRIGHI TAVARES<sup>2</sup>; HEDEN LUIS MARQUES MOREIRA<sup>2</sup>; MARIA EDUARDA OLIVEIRA DOS ANJOS<sup>3</sup>; NELSON JOSÉ LAURINO DIONELLO<sup>2</sup>.

<sup>1</sup>Graduação em Zootecnia (UFPEL) - [welintonreinke19@gmail.com](mailto:welintonreinke19@gmail.com)

<sup>2</sup>Programa de Pós-Graduação em Zootecnia (UFPEL) - [suzane.ff@hotmail.com](mailto:suzane.ff@hotmail.com);  
[r.tavares@ufpel.edu.br](mailto:r.tavares@ufpel.edu.br); [heden.luiz@gmail.com](mailto:heden.luiz@gmail.com); [dionello.nelson@gmail.com](mailto:dionello.nelson@gmail.com)

<sup>3</sup>Graduação em Agronomia (UFPEL) - [madudaangel@gmail.com](mailto:madudaangel@gmail.com)

### 1. INTRODUÇÃO

Marcadores do tipo microssatélites ou SSR (“*Simple Sequence Repeats*”) são sequências repetidas em tandem (2 a 6 nucleotídeos), abundantes e altamente polimórficas nos genomas (LI et al., 2017). Oferecem vantagens sobre outros marcadores moleculares; sendo codominantes, numerosos, possuem alelos múltiplos, cobrem amplamente o genoma, apresentam herança mendeliana, fácil detecção por PCR, além de necessitar de pequena quantidade de DNA para sua análise. (LIMA, 1998; MOREIRA, 1999).

Os SSR têm vasta aplicabilidade na aquicultura, sendo essa uma ferramenta útil para o manejo genético de plantéis. Esses marcadores oferecem a possibilidade de fazer estimativa da variabilidade genética, seleção assistida por marcadores (MAS), mapeamento de características quantitativas (QTL) e caracterização dos reprodutores (FORTE, 2015).

No Brasil, a tilápia (*Oreochromis niloticus*) é uma espécie que vem apresentando um crescimento contínuo na produção ano a ano, sendo hoje o mais cultivado no Brasil (IBGE, 2018). O sucesso no seu cultivo é dado pelo bom crescimento, fácil reprodução, tolerância ao estresse e a qualidade de sua carne (RODRIGUEZ et al. 2013).

Segundo GONÇALVES (2018) a utilização de melhoramento genético para aumento da qualidade e monitoramento de linhagens de tilápia vêm se aperfeiçoando no país, sendo necessária o constante estudo visando o aumento na produtividade.

Visto a importância de novos estudos dirigidos ao melhoramento de peixes, esse trabalho tem como objetivo avaliar a distribuição de SSR no genoma da tilápia, tendo como finalidade a verificação e posterior implementação destes em programas de melhoramento genético da espécie.

### 2. METODOLOGIA

Foi utilizado o software GMATA (*Genome-wide Microsatellite Analyzing Toward Application*) para mineração de marcadores no genoma completo da tilápia depositado no banco de dados Genbank (acesso GCF\_001858045.2), utilizando como critérios: presença de SSR simples, identificação de sequências unicamente tetra, penta e hexanucleotídeo com pelo menos 5 repetições, desenho de primers com 18 a 24 nucleotídeos e conteúdo GC de 40-60%. Após identificação das sequências, as mesmas foram agrupadas em um subdiretório local do software, para a avaliação da distribuição dos SSR nos diferentes grupos de ligação (LG) da espécie.

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foi obtido um total de 21.699 SSR, sendo 15.503 (71,44%) tetranucleotídeo, 5.972 (27,52%) penta e 224 (1,04%) hexa. O LG3 foi o que apresentou maior número de marcadores, totalizando (1.980), seguido do LG7 (1.614) e LG23 (1.041). Já LG19, LG8 e LG13 foram os que apresentaram o menor número de marcadores com 683, 703 e 724 respectivamente. Quanto distribuição das classes de marcadores por grupo de ligação, SSR tetranucleotídeo foram os mais abundantes, com número máximo de 1.347 no LG3 e mínimo de 494 no LG19. Já a classe pentanucleotídeo apresentou valor máximo de 623 no LG3 e mínimo de 186 para LG19. Os marcadores hexanucleotídeo apresentaram valor máximo de 84 no LG11 e mínimo de 2 no LG2, conforme exposto na Figura 1.

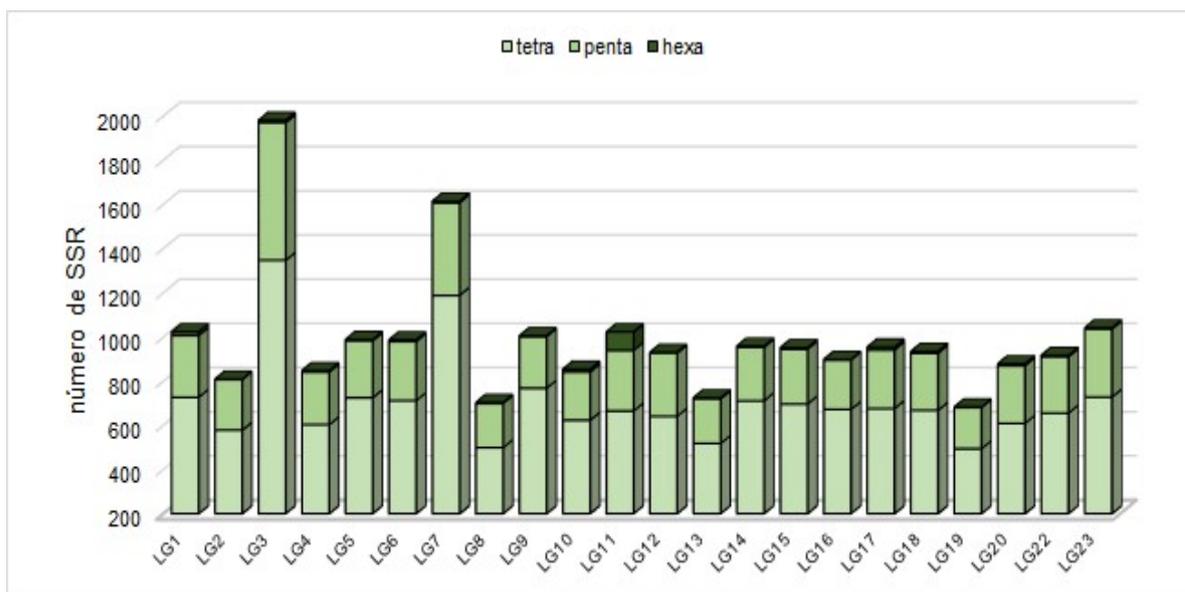


Figura 1 – Distribuição de SSR tetra, penta e hexanucleotídeo ao longo do genoma da tilápia.

LI et al. (2017) em seu estudo realizaram a caracterização de SSR no genoma completo da enguia do pântano (*Monopterus albus*), onde obtiveram um número total de 6.097 marcadores, sendo 4.755 (77,99%) tetra, 1.257 (20,61%) penta e 85 (1,39%) hexa. As porcentagens das classes de marcadores apresentam valores aproximados conforme os obtidos neste estudo, já o número total de SSR se encontra inferior, fato este provavelmente relacionado com o tamanho do genoma das espécies, uma vez que o genoma da enguia é relativamente pequeno comparado ao da tilápia.

Ao analisar marcadores para a carpa comum (*Cyprinus carpio*), JI et al. (2012) obtiveram um número total de 15.466 SSR, valor inferior ao observado no presente trabalho. Já estes distribuídos em tetra, penta e hexa com valores de 12.222 (79,02%), 3.070 (19,85%) e 174 (1,13%) respectivamente.

Entretanto ao avaliar SSR para a espécie de camarão (*Marsupenaeus japonicus*), LU et al. (2015) obtiveram um total de 23.833 marcadores, classificados em tetranucleotídeos (18.505 ou 77,64%), pentanucleotídeos (1.830 ou 7,68%), hexanucleotídeo (3.498 ou 14,68%), no qual foi descrito maior proporção de marcadores hexanucleotídeos se comparado ao da classe penta, divergindo do observado para a tilápia.

## 4. CONCLUSÕES

Os resultados obtidos através da classificação e distribuição dos marcadores SSR fornecem um conjunto de dados com potencial aplicabilidade em estudos genéticos da tilápia.

## 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

FORTE, J.M. **Aplicações de marcadores moleculares nas principais espécies da aquicultura do nordeste brasileiro**. 2015. Dissertação (Mestrado em Ciências Marinhas Tropicais) - Programa de Pós-Graduação em Ciências Marinhas Tropicais, Universidade Federal do Ceará.

GONÇALVES, L.J.A. **Tilapicultura brasileira e o uso de melhoramento genético para aperfeiçoamento das linhagens**. 2018. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Engenharia de Pesca) -Curso de Graduação em Engenharia de Pesca, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia.

IBGE, INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Produção da pecuária municipal 2018**. Rio de Janeiro, v. 46, 8 p. 2018. Disponível em: [https://biblioteca.ibge.gov.br/visualizacao/periodicos/84/ppm\\_2018\\_v46\\_br\\_informativo.pdf](https://biblioteca.ibge.gov.br/visualizacao/periodicos/84/ppm_2018_v46_br_informativo.pdf). Acesso em: 22 set. 2020.

JI, P., ZHANG, Y.; LI, C.; ZHAO, Z.; WANG, J.; LI, J.; XU, P.; SUN, X. High throughput mining and characterization of microsatellites from common carp genome. **International journal of molecular sciences**, v.13, n.8, p.9798-9807, 2012.

LIMA, R.M.G. **Polimorfismos de microssatélites em DNA de equinos e seu uso na determinação de parentesco em animais da raça mangalarga machador**. 1998, 91p. Tese (Doutorado em Ciência Animal) - Escola de Veterinária, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte.

LI, Z.; CHEN, F.; HUANG, C.; ZHENG, W.; YU, C.; CHENG, H.; ZHOU, R. Genome-wide mapping and characterization of microsatellites in the swamp eel genome. **Scientific reports**, v.7, n.1, p.1-9, 2017.

LU, X.; LUAN, S.; KONG, J.; HU, L.; MAO, Y.; ZHONG, S. Genome-wide mining, characterization, and development of microsatellite markers in *Marsupenaeus japonicus* by genome survey sequencing. **Chinese Journal of Oceanology and Limnology**, v.35, n.1, p.203-214, 2015.

MOREIRA, H.L.M. **Análise da estrutura de populações e diversidade genética e estoques de reprodutores de tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*) estimadas por microssatélite**. 1999. 112p. Tese (Doutorado em Ciências) Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

RODRIGUEZ, M.D.P.R.; BARRERO, N.M.L.; VARGAS, L.; ALBUQUERQUE, D.M.; GOES, E.S.D.R.; DO PRADO, O.P.P.; RIBEIRO, R.P. Caracterização Genética de Gerações de Tilápia Gift por Meio de Marcadores Microssatélites. **Pesquisa Agropecuária Brasília**. Brasília, v.48, n.10, p.1385-1393, 2013.