

# DESENVOLVIMENTO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES E ANÁLISE GENÉTICA POPULACIONAL EM PTEROPHYLLUM SCALARE

30° Zootec, 1<sup>a</sup> edição, de 10/05/2021 a 14/05/2021  
ISBN dos Anais: 978-65-89908-12-8

LEAL; Cindy Namie Seino<sup>1</sup>, PANDOLFI; Victor César Freitas<sup>2</sup>, LOPERA-BARRERO; Nelson Mauricio<sup>3</sup>, RUAS; Claudete de Fátima<sup>4</sup>, SOUZA; Felipe Pinheiro de<sup>5</sup>

## RESUMO

Dentro da família dos ciclídeos o acará-bandeira (*Pterophyllum scalare*) é uma das mais importantes espécies ornamentais, apresentando elevada demanda no mercado, principalmente no Brasil. Mesmo com a importância econômica nenhum primer microssatélite foi desenvolvido para pesquisas de diversidade e estrutura genética. O objetivo do presente trabalho foi desenvolver primers microssatélites espécie-específicos para o *P. scalare* e analisar a diversidade e estrutura genética de quatro populações. Para a extração de DNA foi utilizado o protocolo baseado em NaCl e a qualidade do produto da extração foi averiguada por eletroforese em gel de agarose (1%). A biblioteca enriquecida em microssatélites foi desenvolvida através do método de captura por hibridação. O DNA genômico foi digerido e os fragmentos foram ligados aos adaptadores de fita simples *Rsa*21 e *Rsa*25. Os fragmentos enriquecidos de microssatélites foram amplificados via PCR com os iniciadores *Rsa*21, clonados e transformados em células competentes *Escherichia coli* JM109. Isolaram-se plasmídeos de colônias únicas e as inserções foram sequenciadas em sequenciador automático utilizando o primer M13. Os primers, desenhados no software Primer3, foram sintetizados e testados em nove amostras de *P. scalare* (três amostras para cada temperatura testada) para a padronização da melhor temperatura de anelamento para cada primer. Após a obtenção e caracterização dos primers, foi realizada a análise populacional com 24 espécimes de uma população selvagem (SEL), e três estoques comerciais: linhagem comum (COM), marmorato (MAR) e palhaço (PAL). Foi executada a amplificação por PCR para em seguida as amostras serem submetidas a eletroforese em sequenciador automático. Foram calculados o número e alelos por locus, riqueza alélica, heterozigosidade observada e esperada, equilíbrio de Hardy-Wainberg, gargalo genético, Análise de Variância Molecular, índice de diferenciação genética e análise da estrutura populacional. Dos 14 loci testados, 11 apresentaram padrões adequados de amplificação, sendo que oito loci apresentaram polimorfismo (GenBank: MT084610, MT084612, PSCA1F1, PSCA1H1, PSCA1H2, PSCA2A1, PSCA2C1, PSCA2H1). A média do número de alelos por locus por população/estoque variou de 4,250 (SEL) a 4,625 (COM e PAL). Os maiores valores de riqueza alélica foram observados no loci PSCA2H1 (7,541) para a população SEL. O valor médio para a heterozigosidade observada (*H<sub>o</sub>*) foi menor que a esperada (*H<sub>e</sub>*) para COM, MAR e PAL, com valores médios variando entre 0,376 (COM) e 0,562 (SEL). O desvio do equilíbrio de Hardy-Weinberg (*p*<0,05) foi observado para vários locus em todas as populações. A análise de gargalo genético mostrou excesso de heterozigotos (*p*<0,05) no estoque COM no modelo SMM e PAL no modelo IAM. A AMOVA demonstrou uma variação de 16,012% entre as populações/estoques. O índice de diferenciação genética (*F<sub>ST</sub>*) foi alto para as combinações SEL x COM, SEL x MAR e SEL x PAL e moderado para as combinações COM x MAR, COM x PAL e MAR x PAL. A análise de estrutura populacional indicou a presença de dois agrupamentos genéticos, um constituído por SEL e outro por COM + MAR + PAL. Em conclusão, os novos primers microssatélite desenvolvidos servem como ferramenta para as análises de

<sup>1</sup> Mestranda - UEL, cindynamies@gmail.com

<sup>2</sup> Doutorando - UEL, vcfpand@gmail.com

<sup>3</sup> Professor - UEL, nmlopera@uel.br

<sup>4</sup> Professora - UEL, ruas@uel.br

<sup>5</sup> Doutor - UEL, felipeps1991@gmail.com

diversidade e estrutura genética realizados em *P. scalare*.

**PALAVRAS-CHAVE:** Aquicultura e piscicultura, Conservação genética, Estrutura populacional, Marcador molecular, SSR

<sup>1</sup> Mestranda - UEL, cindynamies@gmail.com  
<sup>2</sup> Doutorando - UEL, vcfpand@gmail.com  
<sup>3</sup> Professor - UEL, nmlopera@uel.br  
<sup>4</sup> Professora- UEL, ruas@uel.br  
<sup>5</sup> Doutor- UEL, felipeps1991@gmail.com