

ANAIS - 2016

# XIV SEMAQUI

I WORKSHOP SUL BRASILEIRO DE BIOFLOCOS



[semaqui.ufsc.br](http://semaqui.ufsc.br)



## VARIABILIDADE GENÉTICA COM SSR DE POPULAÇÕES DE TILÁPIA DO NILO DA LINHAGEM GIFT-EPAGRI

Bruno C. da Silva\*, Adriana Pereira, Keny H. Mariguele

Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (Epagri). Rod. Antonio Heil 6800, Itajaí-SC. E-mail: brunosilva@epagri.com.br.

Devido à necessidade de melhoria da qualidade dos alevinos de tilápia do Nilo, a Epagri iniciou, em 2011, um projeto de seleção de tilápias da linhagem Gift. Através desse, é realizado o fornecimento de matrizes certificadas aos produtores de alevinos. Sendo assim, este estudo objetivou avaliar a variabilidade genética de populações de tilápia do programa de melhoramento do Centro de Desenvolvimento em Aquicultura e Pesca da Epagri, através de marcadores microssatélites (SSR).

Cento e trinta e cinco peixes, 15 animais de nove diferentes populações, foram amostrados, chipados e coletado fragmentos da nadadeira caudal para posterior extração do DNA genômico. Após o DNA purificado e quantificado, este foi amplificado pela técnica de PCR utilizando os seguintes SSR: UNH104, UNH108, UNH160, UNH208, UNH222, UNH879 e UNH898. Os produtos resultantes da amplificação SSR foram separados por eletroforese capilar com o equipamento ABI 3130 Genetic Analyser (Applied Biosystems). Os resultados foram avaliados com o software GeneMapper e os dados foram analisados no Programa Popgene onde foram obtidos os índices: heterozigosidade observada ( $H_o$ ), heterozigosidade esperada ( $H_e$ ), a estatística F de Wright e a identidade genética de Nei.

De acordo com os dados obtidos, foi possível verificar que todos os 7 SSR usados foram polimórficos, sendo estes informativos para estudo de diversidade genética. Na Tabela 1 observa-se que os valores médios da  $H_o$  e  $H_e$  foram de 0,5921 e 0,6614 respectivamente. O valor positivo do índice Fit (0,1807) indica ausência de heterozigotos, quando os 135 indivíduos foram avaliados conjuntamente. Isso sugere endogamia ou subdivisão populacional, porém o valor do  $F_{st}$  (0,2398) confirma que existe uma elevada diferenciação genética entre as populações estudadas. Por outro lado, o valor do  $F_{is}$  (-0,0777), apesar da baixa magnitude, sugere excesso de heterozigotos dentro das populações. Quanto aos valores de identidade genética de Nei, eles variaram de 0,30 até 0,91, entre as populações 3 x 7 e 1 x 4, respectivamente. Essa ampla variação reforça a existência de diferenciação entre as populações.

Diante disso, com base nos marcadores usados neste estudo, foi possível observar que existe variabilidade genética dentro e entre as populações estudadas.

Tabela 1: Valores médios da heterozigosidade observada ( $H_o$ ), heterozigosidade esperada ( $H_e$ ), diversidade de Nei e valores da estatística F de nove populações de tilápia. Itajaí SC (2015).

	$H_o$	$H_e$	$F_{is}$	Fit	$F_{st}$
Média	<b>0,5921</b>	<b>0,6614</b>	<b>-0,0777</b>	<b>0,1807</b>	<b>0,2398</b>