

# AVALIAÇÃO DE LOCOS SSR (Single Sequence Repeats) DESENVOLVIDOS PARA *Oreochromis niloticus* E *Tropheus moorii* EM ALGUNS CICLÍDIOS NEOTROPICAIS

Heden Luiz Marques Moreira  
 Carla Giovane Ávila Moreira  
 Danilo P. Streit  
 Ricardo Pereira Ribeiro  
 Lauro Vargas  
 Fabiana Cavichiolo  
 Jayme Aparecido Povh  
 Odir Antônio DellaGostin  
 Bernardo Erdtmann

MOREIRA<sup>1</sup>, H.L.M.; MOREIRA<sup>2</sup>, C.G.A.; STREIT<sup>3</sup>, D.P.; RIBEIRO<sup>1</sup>, R.P.; VARGAS<sup>1</sup>, L.; CAVICHIOLI<sup>3</sup>, F.; POVH<sup>3</sup>, J.A.; DELLAGOSTIN<sup>4</sup>, O.A.; ERDTMANN<sup>5</sup>, B. Avaliação de locos SSR (single sequence repeats) desenvolvidos para *Oreochromis niloticus* e *Tropheus moorii* em alguns ciclídios neotropicais. *Arq. ciênc. vet. zool.* UNIPAR, 6(1): p. 49-51, 2003.

**RESUMO:** “Primers” de locos SSR (Single Sequence Repeats) desenvolvidos a partir de tilápia (*Oreochromis niloticus*) (UNH104, UNH108 e UNH160) e de *Tropheus moorii* (*TmoM27*) foram testados em alguns ciclídios brasileiros. Destes microssatélites avaliados, somente o *TmoM27* apresentou amplificação para os gêneros *Geophagus* e *Crenicichla* (Cichlidae). Esse loco foi monomórfico em *Crenicichla iguassuensis* e nos morfotipos *Crenicichla* sp1 e sp2, com um tamanho estimado da ordem de 346 pb. Pelo menos nesse segmento de DNA não há diferenciação entre *C. iguassuensis* e as supostas sp1 e sp2. A espécie *Geophagus brasiliensis* apresentou, contudo, dois alelos com tamanhos de 346 e 358 pb. O menor alelo de *G. brasiliensis* correspondia ao alelo encontrado nas populações de *Crenicichla*, contudo sua identidade de bases não foi estabelecida. Observou-se equilíbrio de Hardy-Weinberg para o loco *TmoM27*, tanto em *G. brasiliensis* como em *Oreochromis niloticus*. O loco *TmoM27* apresentou o mesmo nível de polimorfismo obtido por outros pesquisadores que analisaram este microssatélite nas espécies de *Crenicichla saxatilis* e *Oreochromis niloticus*. O locus *TmoM27* pode ser usado para análise da heterozigosidade em *Geophagus brasiliensis*. Os locos UNH 104, UNH108 e UNH160 não tem aplicação em estudos de estrutura de populações para *Crenicichla* e *Geophagus*, pois nenhum produto de amplificação foi obtido nestas espécies.

**PALAVRAS-CHAVES:** SSR, *Geophagus*, *Crenicichla*, *TmoM27*

## AVALIATION OF SSR (SINGLE SEQUENCE REPEATS) LOCUS DEVELOPED FROM *Oreochromis niloticus* AND *Tropheus moorii* IN SOME NEOTROPICAL CICHLIDS

MOREIRA, H.L.M.; MOREIRA, C.G.A.; STREIT, D.P.; RIBEIRO, R.P.; VARGAS, L.D; CAVICHIOLI, F.; POVH, J.A.; DELLAGOSTIN, O.A.; ERDTMANN, B. Avaliation of SSR (single sequence repeats) locus developed from *Oreochromis niloticus* and *Tropheus moorii* in some neotropical cichlids. *Arq. ciênc. vet. zool.* UNIPAR, 6(1): p. 49-51, 2003.

**ABSTRACT:** Heterolog primers of SSR (Single Tanden Repeats) developed from tilapia (*Oreochromis niloticus*)(UNH104, UNH108 e UNH160) and *Tropheus moorii* (*TmoM27*), were evaluated in some neotropical cichlids. Only *TmoM27* showed loudness for *Geophagus* and *Crenicichla* geneus (Cichlidae). *TmoM27* was monomorphic in *Crenicichla iguassuensis* and morph types *Crenicichla* sp1 and sp2; its size was estimated in 346 pb. There was not difference on this locus among *C. iguassuensis* and the supposed sp1 and sp2. However, *Geophagus brasiliensis* showed two alleles, with 346 and 358 pb, respectively. The shorter *G. brasiliensis* allele corresponded to allele found in *Crenicichla*, but its basis identify wasn't established. Was detected equilibrium of Hardy-Weinberg for *TmoM27*, either *G. brasiliensis* or *Oreochromis niloticus*. The *TmoM27* locus presented the same polymorphism level obtained by other researchers that analyzed this microsatellite in *Crenicichla saxatilis* e *Oreochromis niloticus*. The *TmoM27* locus can be used for analysis of the heterozygosity in *Geophagus brasiliensis*. The UNH 104, UNH108 and UNH160 loci doesn't have application in studies of structure of populations for *Crenicichla* e *Geophagus*, because no amplification product was obtained in these species.

**KEY WORDS:** *Crenicichla*, *Geophagus*, SSR, *TmoM27*

<sup>1</sup> Professor do Departamento de zootecnia, UEM. Maringá - PR, Brasil.

<sup>2</sup> Aluno de pós-graduação em Agronomia da UEM.

<sup>3</sup> Aluno de Programa de Pós Graduação em Zootecnia da UEM.

<sup>4</sup> Professor do Departamento de Microbiologia, UFPel

<sup>5</sup> Professor do Instituto de Biologia, UFRGS

## EVALUACIÓN DE LOCOS SSR (Single Sequence Repeats) DESARROLLADOS PARA *Oreochromis niloticus* E *Tropheus moorii* EN ALGUNOS CICLÍDEOS NEOTROPICALES

MOREIRA, H.L.M.; MOREIRA, C.G.A.; STREIT, D.P.; RIBEIRO, R.P.; VARGAS, L.D.; CAVICHIOLO, F.; POVH, J.A.; DELLAGOSTIN, O.A.; ERDTMANN, B. Evaluación de locos SSR (single sequence repeats) desarrollados para *Oreochromis niloticus* e *Tropheus moorii* en algunos ciclídeos neotropicales. *Arq. ciênc. vet. zool. UNIPAR*, 6(1): p. 49-51, 2003.

**RESUMEN:** "Primers" de locos SSR ("Single Sequence Repeats") desarrollados a partir de tilapia (*Oreochromis niloticus*) (UNH104, UNH108 e UNH160) e de *Tropheus moorii* (*TmoM27*), fueron investigados en algunos ciclídeos brasileños. De los microsatélites evaluados, solamente el *TmoM27* amplificó en los géneros *Geophagus* e *Crenicichla* (Cichlidae). Ese *loco* fue monomórfico en *Crenicichla iguassuensis* y en los morfotípos *Crenicichla* sp1 e sp2, con un tamaño aproximado de 346 pb. Por lo menos en este segmento de ADN no hay diferencia entre *C. iguassuensis* y las posibles sp1 y sp2. Por otro lado, en la especie *Geophagus brasiliensis* se identificaron dos alelos con tamaños de 346 y 358 pb respectivamente. El alelo de *G. brasiliensis* correspondía al alelo encontrado en las poblaciones de *Crenicichla*, entretanto su identidad de bases no fue establecida. Se identificó equilibrio de Hardy-Weinberg para el *loco TmoM27*, tanto en *G. brasiliensis* como en *Oreochromis niloticus*. El locus *TmoM27* presentó el mismo nivel de polimorfismo obtenido por otros investigadores que examinaron este microsatélite en las especies *Crenicichla saxatilis* y *Oreochromis niloticus*. El locus *TmoM27* puede usarse para analizar la heterosigosidad en *Geophagus brasiliensis*. Los locos UNH 104, UNH 108 y UNH 160 no se aplican en estudios de estructura de poblaciones para *Crenicichla* e *Geophagus*, pues no se obtuvo ningún producto de amplificación en estas especies.

**PALABRAS CLAVE:** *Crenicichla*, *Geophagus*, SSR, *TmoM27*

### Introdução

O estudo da variabilidade genética de espécies nativas é importante quando se pretende utilizá-las em programas de cultivo intensivo. O uso de peixes nativos deveria ser preferido em função de sua adaptação ao meio e pela disponibilidade da espécie-fonte para variabilidade genética. Outro aspecto a ser levantado é a questão de competição entre espécies exóticas e nativas. As espécies exóticas, ao invadirem acidentalmente o ambiente natural, podem deslocar ou até eliminar espécies nativas, causando um prejuízo à biodiversidade. Embora não existam relatos de deslocamentos ou eliminação de espécies nativas, tem-se verificado a presença de tilápias em rios e lagos brasileiros (GITAÍ *et al.*, 1998). Os ciclídios da América do Sul compreendem cerca de 50 gêneros e englobam mais de 400 espécies. Uma análise filogenética abrangendo todos os táxons sul-americanos desta família não foi ainda obtida (KULLANDER, 1997). Uma análise envolvendo um grande número de caracteres morfológicos sugere, contudo, o estabelecimento de um grupo monofilético neotropical com quatro linhas evolutivas, a saber: heroinos, ciclasominos, geophaginos e crenicinclinos. Além de caracteres morfológicos, caracteres comportamentais têm sido usados para inferências filogenéticas (SANTOS & REIS, 1997). No entanto, outras ferramentas, entre elas marcadores moleculares do tipo microsatélites, podem ser utilizadas para estimar as relações filogenéticas entre ciclídios neotropicais. Um dos empecilhos para o uso de microsatélites é, entretanto, a necessidade de isolar e caracterizar estes marcadores a partir de técnicas de clonagem e sequenciamento, se estes não estiverem disponíveis nas espécies de interesse (ANGER & BERNATCHEZ, 1996). Uma maneira de superar esse problema é utilizar microsatélites desenvolvidos para outras espécies, gêneros ou mesmo para níveis taxonômicos mais elevados.

RICO *et al.* (1996) avaliaram a retenção de seqüências flanqueantes entre as três principais superclasses e a maioria das superordens de peixes, e constataram que a taxa de

substituição de bases nas seqüências nuclear e mitocondrial é menor em organismos aquáticos do que em terrestres. Este estudo de RICO *et al.* (1996) sugeriu que "primers" heterólogos seriam uma fonte de marcadores polimórficos entre espécies de peixes, mas também indicou os cuidados que deveriam ser tomados nas comparações de variabilidade entre espécies.

O objetivo deste estudo foi testar os "primers" dos locos microsatélites (UNH104, UNH108 e UNH160), desenvolvidos a partir da espécie *Oreochromis niloticus* (LEE & KOCHER, 1996) e o *TmoM27*, desenvolvido a partir de *Tropheus moorii* (ZARDOYA *et al.*, 1996), em alguns ciclídios neotropicais do Brasil.

### Material e Métodos

Três amostras de peixes do gênero *Crenicichla* foram obtidos junto ao Nupélia (Núcleo de Pesquisa e Limnologia Aquática – Universidade Estadual de Maringá). Estas amostras foram caracterizadas, baseadas em aspectos morfológicos, como sendo *C. Iguassuensis*, sp.1 e sp.2 por RENESTO *et al.* (1998). Uma amostra de *Geophagus brasiliensis* foi obtida na estação de piscicultura de Viamão (RS). Uma amostra de DNA genômico foi extraída de nadadeira caudal para *G. brasiliensis* e de tecido muscular para as amostras do gênero *Crenicichla*. O método de extração foi o descrito por BARDAKCI & SKIBINSKI (1994) e o DNA ressuspensiondo em TE (10 mM Tris-HCl<sup>1</sup>, 1 mM EDTA<sup>1</sup>, pH 7,2). Todas as reações de PCR foram conduzidas em 25 mL contendo 50-100 ng do DNA alvo, 0,2 mM de cada primer<sup>1</sup>, 0,2 mM de dNTP<sup>2</sup>, 10 mM Tris<sup>1</sup> (pH 9,0), 1,5 mM MgCl<sub>2</sub><sup>1</sup>, 50 mM KCl<sup>1</sup> e uma unidade da enzima Taq polimerase<sup>1</sup>. As temperaturas de anelamento para os locos UNH104, UNH108, UNH160 e *TmoM27* estão descritas em MOREIRA (1999). As seguintes condições para a amplificação por PCR foram: um ciclo de desnaturação a 95° C por 5 minutos; 30-35 ciclos de 1 minuto em 94° C, 1 minuto na temperatura de anelamento, 1 minuto em 72° e um ciclo final de extensão em 72° C por 5 minutos

<sup>1</sup> Gibco BRL – Life Technologies

<sup>2</sup> Amersham Pharmacia

(MOREIRA, 1999). Alíquotas dos produtos amplificados foram corridas em um gel de poliacrilamidas contendo 7M<sup>1</sup> de uréia. Os produtos foram corados com nitrato de prata (Silver Sequence TM DNA Staining)<sup>3</sup>. Para uma avaliação acurada, todos os géis foram carregados com uma reação de seqüenciamento do plasmídio pGEM3ZF+ (Promega)<sup>3</sup>.

## Resultados e Discussão

Dos quatro microsatélites testados, somente o *TmoM27* apresentou amplificação para os gêneros *Geophagus* e *Crenicichla* (Cichlidae). Esse loco foi monomórfico em *Crenicichla iguassuensis* e nos morfotipos *Crenicichla* sp1 e sp2, com um tamanho estimado da ordem de 346 pb. Pelo menos nesse segmento de DNA não há diferenciação entre *C. iguassuensis* e as supostas *C. sp1.* e *C. sp2.* RENESTO et al. (1998), analisando com locos enzimáticos esses mesmos exemplares, também não encontraram suporte para caracterizar amostras de populações como espécies distintas. A amplificação do loco *TmoM27* foi monomórfica nos espécimes do gênero *Crenicichla*. Por outro lado, a espécie *Geophagus brasiliensis* apresentou dois alelos com tamanhos de 346 e 358 pb. O alelo de menor tamanho amplificado em *G. brasiliensis* correspondia ao alelo encontrado nas populações de *Crenicichla*, contudo sua identidade de seqüência não foi estabelecida. O alelo de maior tamanho amplificado em *G. brasiliensis* correspondia ao de menor tamanho amplificado em *O. niloticus*. Os alelos do loco *TmoM27* em *G. brasiliensis* encontravam-se em equilíbrio de Hardy-Weinberg. Resultados semelhantes, em relação ao número de alelos (repetições), para o loco *TmoM27* foram obtidos por ZARDOYA et al. (1996) quando analisaram *Crenicichla saxatilis* e *Oreochromis niloticus*. A não amplificação dos locos UNH 104, UNH108 e UNH160, provavelmente pode estar relacionada a mutações no sítios de “anelamento” dos primers. Estas mutações podem ser resultados da divergência genética ocorrida ao longo da especiação. Os níveis de polimorfismo obtidos por RICO et al. (1996) foram geralmente maiores em espécies fontes. Estas espécies fontes foram as espécies utilizadas para identificar os locos de microsatélites e para desenhar os primers. RICO et al. (1996) não encontraram, entretanto, diferença significativa quando foram realizadas comparações pareadas entre números de alelos obtidos nas espécies fontes e não-fontes. Os resultados com relação ao loco *TmoM27* para *O. niloticus* e *Crenicichla* concordam com o obtido por RICO et al. (1996), pois os níveis de polimorfismos obtidos em *O. niloticus* e *Crenicichla* foram menores que os encontrados em *Tropheus moorii*, a espécie fonte para identificação deste loco de microsatélites.

## Conclusão

O locus *TmoM27* pode ser usado para análise da heterozigosidade em *Geophagus brasiliensis*. Os locos UNH 104, UNH108 e UNH160 não tem aplicação em estudos de estrutura de populações para *Crenicichla* e *Geophagus*, pois nenhum produto de amplificação foi obtido nestas espécies.

## Referências

- ANGER, B.; BERNATCHEZ, L. Usefull of heterologous microsatellites obtained from brook charr, *Salvelinus fontinalis* Mitchell, in other *Salvelinus* species. *Molecular Ecology*, Leicester v.5, no 4, p.317-319, apr. 1996.
- BARDAKCI, F.; SKIBINSKI, D.O.F. Application of the RAPD techniques in tilapia fish: species and subspecies identification. *Heredity*, Nottingham, v. 37, no. 2, p. 117-123, feb. 1994.
- GITAÍ, D.L.G.; SILVA, L.A.F.; ANDRADE, T.G. Análise da variabilidade genética em tilápias (*Oreochromis niloticus*) através da técnica de RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA). In: CONGRESSO NACIONAL DE GENÉTICA, 44, 1998, Águas de Lindóia. *Anais...* Águas de Lindóia: SBG, 1998. p. 365.
- KULLANDER, S.O. A phylogeny and classification of the South American Cichlidae. In: INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON PHYLOGENY, 1, 1997, Porto Alegre, *Anais...* Porto Alegre: Museu de Ciências e Tecnologia (PUCRS), 1997. p.41.
- LEE, W.J.; KOCHER, T.D. Microsatellite DNA markers for genetic mapping in *Oreochromis niloticus*. *Journal of Fish Biology*, London, v. 49, no. 1, p.169-171, jan. 1996.
- MOREIRA, H.L.M. *Análise da estrutura de populações e diversidade genética de estoques de reprodutores de tilápia do nilo (*Oreochromis niloticus*) estimadas por microsatélite*. Porto Alegre, 1999. 112 f. Tese (Doutorado em Biologia Molecular) –Departamento de Genética da Universidade Federal do Rio Grande do Sul.
- RENESTO, E. et al. Análise genética entre três morfotipos do gênero *Crenicichla* (Perciformes, cichlidae) na bacia do Rio Iguaçu. In: CONGRESSO NACIONAL DE GENÉTICA, 44, 1998, Águas de Lindóia. *Anais...* Águas de Lindóia: SBG, 1998. p. 365.
- RICO, C.; RICO, I.; HEWIT, G. 470 million years of conservation of microsatellite loci among fish species. *Proceeding of Royal Society of London B*, Londres, v.263, no. 4, p. 549-557, apr. 1996.
- SANTOS, W.L.A.; REIS, R.E. Behavioral characteres of *Gymnogeophagus* species (Perciformes: Cichlidae) and their phylogenetic content. In: INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON PHYLOGENY, 1, 1997, Porto Alegre. *Abstracts...* Porto Alegre: PUCRS, 1997. p. 92.
- ZARDOYA, R. et al. A. Evolutionary conservation of microsatellite flanking regions and their use in resolving phylogeny of cichlid fishes (Pisces: Perciformes). *Proceeding of Royal Society of London B*, Londres, v. 263, no. 4, p. 1589-1598, apr. 1996.

Recebido para publicação em 19/10/2001.

Received for publication on 19 October 2001.

Recibido para publicación en 19/10/2001.

Acepto para publicación en 11/11/2002.

Accepted for publication on 11 November 2002.

Acepto para publicación en 11/11/2002.

<sup>3</sup> Promega