

CONSTRUINDO SABERES, FORMANDO PESSOAS E TRANSFORMANDO A PRODUÇÃO ANIMAL

### **Polimorfismo do gene mitocondrial 16s da espécie *Pimelodus Maculatus***

Lusma Gadea de MELLO\*<sup>1</sup>, Vanessa SEIDEL<sup>1</sup>, Gabrielle Silveira WAISHAUP<sup>1</sup>,  
Alexandra Möller ALVES<sup>1</sup>, Rafael Aldrighi TAVARES<sup>2</sup>

\*autor para correspondência: lusma.mello@gmail.com

<sup>1</sup>Acadêmico do curso de Zootecnia – UFSM, Campus Palmeira das Missões.

<sup>2</sup> Departamento de Zootecnia e Ciências Biológicas – UFSM, Campus de Palmeira das Missões.

**Abstract:** This work aimed to analyze the mitochondrial 16s gene of the species *Pimelodus Maculatus*. The quality of the read by the program FastQC was verified and later the ones of low quality were removed through the program Trimmomatic. The alignment was 2.658 bp, where they aligned to the gene related 80 read, being able to identify 124 polymorphism sites in the 16s gene of the species *Pimelodus Maculatus*. It is of great importance to the characterization of the mitochondrial region to base future works of genetic improvement.

**Palavras-chave:** DNA, mandi-amarelo, sequencing

Promoção e Realização:



Apoio Institucional:



Organização:



CONSTRUINDO SABERES, FORMANDO PESSOAS E TRANSFORMANDO A PRODUÇÃO ANIMAL

## Introdução

O Mandi amarelo (*Pimelodus Maculatus*), também conhecido como mandi pintado é um peixe de água doce, sendo encontrado em uma ampla distribuição geográfica. É o maior dos mandis, podendo chegar a exemplares entre 30 a 40 cm (Britski et al., 1988). Apresenta hábito alimentar onívoro (Souza, 1982), com ampla plasticidade da dieta em função das variações temporais e espaciais provocadas pelas mudanças relacionadas a fatores bióticos e abióticos (Lowemccconnell, 1999).

É importante analisar e compreender as regiões mitocondriais, onde as características do sequenciamento indicam a variabilidade genética das espécies. Os marcadores moleculares dispõem da herança materna (Olson et al., 2009), sendo relevantes ao considerar em casos de filogenia e importância taxonômica.

Objetivou-se analisar o polimorfismo do gene mitocondrial 16s da espécie *Pimelodus Maculatus*, relevando a variabilidade existente no indivíduo, e consequentemente na espécie.

## Material e Métodos

A biblioteca de DNA, da espécie *Pimelodus Maculatus* foi obtida a partir de um sequenciador GAIIX (Illumina, USA) no modo *paired-end*, para a obtenção de sequências com 150 pares de bases (*pb*).

O programa FastQC foi utilizado para analisar a qualidade de cada *read*. Após a análise de qualidade foi realizada a remoção dos adaptadores e a remoção de *read* de baixa qualidade com o programa Trimmomatic (Bolger et al., 2014). As sequências das extremidades dos *reads* foram removidas quando as médias de qualidade fossem inferiores a *Phread* 15 em intervalos de quatro bases. Também foram removidos os *reads* com comprimentos menores que 32pb. Para a verificação da eficiência da filtragem foi utilizado novamente o programa FastQC.

Foi utilizado o programa Bowtie2 para realizar a montagem, sendo utilizado como referência o gene mitocondrial 16s da espécie *Pimelodus Maculatus* (GenBank:

Promoção e Realização:



Apoio Institucional:



Organização:



CONSTRUINDO SABERES, FORMANDO PESSOAS E TRANSFORMANDO A PRODUÇÃO ANIMAL

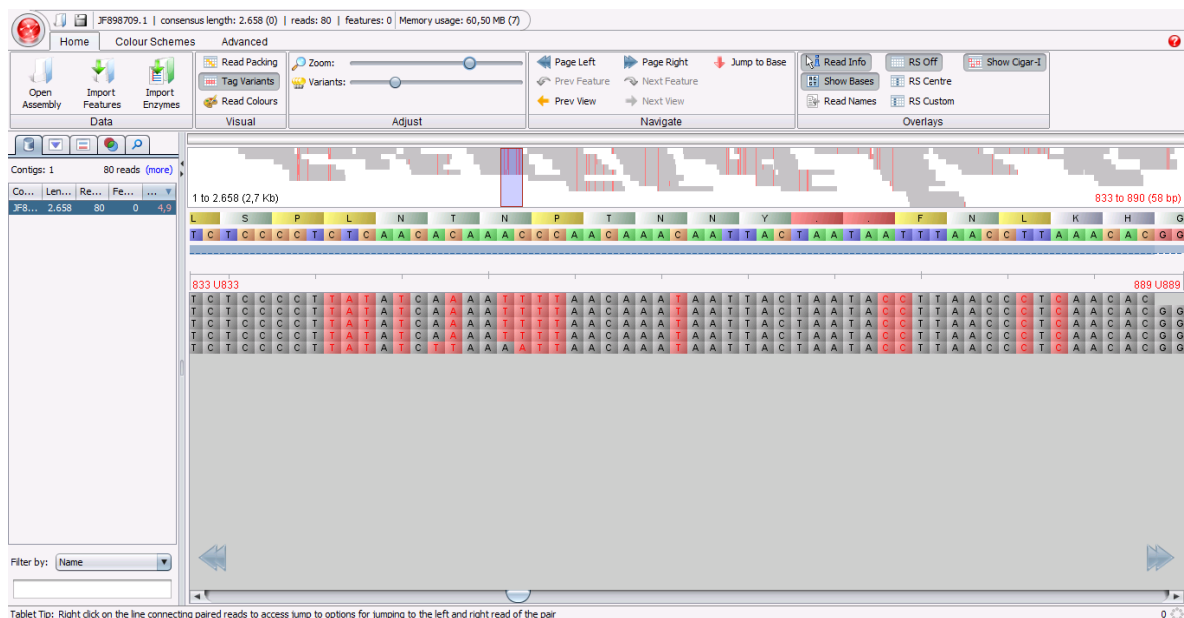
898709.1) com comprimento de 2.658pb.

O arquivo no formato SAM, gerado na montagem, foi transformado em formato BAM com o programa Samtools (Li et al., 2009) e posteriormente foi utilizado o programa Tablet, sendo possível verificar os *reads* montados contra a referência.

### Resultados e Discussão

O sequenciamento do DNA resultou em 1.690.800 *read*, possuindo 35 a 151 pares de base subdivididos em dois arquivos *paired-end*. O alinhamento dos *read* do sequenciamento contra a referência foi de 2.658 *pb*, onde 80 *read* se alinham ao gene referente, onde identificou-se 124 sítios de polimorfismo (figura 1).

Figura 1: *Read* mapeados da espécie *Pimelodus Maculatus* do gene 16s.



Fonte: Programa Tablet

Nestes sítios foram observados que a Timina do gene referência apresentou 36 variações, sendo 27 polimorfismos com Citosina nas posições 152; 454; 541; 664; 874; 881; 1.036; 1.068; 1.099; 1.267; 1.467; 1.471; 1.477; 1.480; 1.514; 1.559;

Promoção e Realização:

Apoio Institucional:

Organização:

CONSTRUINDO SABERES, FORMANDO PESSOAS E TRANSFORMANDO A PRODUÇÃO ANIMAL

1.560; 1.649; 1.703; 1.805; 1.819; 2.188; 2.236; 2.269; 2.280; 2.319; 2.360. Também oito polimorfismos com Adenina nas posições 291; 682; 842; 1.060; 1.464; 1.657; 2.264; 2.612 e três com Guanina nas posições 310; 1.318; 1.878.

Verificou-se que a Adenina do gene referência teve variação em 27 sítios, sendo quatro sítios de polimorfismo com Timina nas posições 310; 1.318; 1.878, nove polimorfismo com Guanina nas posições 348; 465; 692; 1.452; 1.821; 1.979; 2.273; 2.291; 2.608 e 14 sítios de polimorfismo com Citosina nas posições 292; 355; 873; 937; 1.061; 1.071; 1.130; 1.218; 1.733; 1.841; 1.877; 2.298.

A Guanina do gene referente apresentou 14 sítios de polimorfismo, 12 destes sítios com Adenina nas posições 165; 290; 319; 1.062; 1.132; 1.485; 1.493; 1.824; 1.842; 2.152; 2.199; 2.23, e dois sítios com Citosina nas posições 379; 1.836.

Em 45 sítios de polimorfismo que ocorreram na base nitrogenada Cistina, cinco foram com Adenina nas posições 937; 1.519; 1.691; 1.873; 2.227 e 40 sítios de polimorfismo com Timina nas posições 293; 296; 374; 456; 631; 841; 843; 852; 853; 854; 861; 1.044; 1.084; 1.085; 1.107; 1.136; 1.203; 1.252; 1.434; 1.439; 1.454; 1.513; 1.628; 1.636; 1.651; 1.669; 1.673; 1.770; 1.772; 1.785; 1.795; 1.814; 1.825; 1.864; 1.918; 1.977; 2.142; 2.178; 2.292; 2.334.

### Conclusão

De acordo com o sequenciamento identificou-se o polimorfismo do gene 16s da espécie *Pimelodus Maculatus*. É importante identificar e caracterizar as regiões mitocondriais para obter uma base para trabalhos futuros de melhoramento genético.

### Referências

Britski, H.A. 1988. et al. Manual de identificação de peixes da Região de Três Marias: com chaves de identificação para os peixes da Bacia do São Francisco. Brasília: CODEVASF, Divisão de Piscicultura e Pesca, 1984. 3<sup>o</sup> Edição

Promoção e Realização:



Apoio Institucional:



Organização:



CONSTRUINDO SABERES, FORMANDO PESSOAS E TRANSFORMANDO A PRODUÇÃO ANIMAL

Revisada.

Bolger, A. M.; Lohse, M.; Usadel, B. 2014. Trimmomatic: A flexible trimmer for Illumina Sequence Data. *Bioinformatics*, n. 170:1-7.

Li, H.; Handsaker, B.; Wysoker, A.; Fennell, T.; Ruan, J.; Homer, N.; Marth, G.; ABECASIS, G.; DURBIN, R. 2009.; 1000 Genome Project Data Processing Subgroup. The Sequence alignment/map (SAM) format and SAMtools. *Bioinformatics*, v. 25, n. 16:2078-2079.

Lowel-McConnell, R.H. 1999. Estudos ecológicos de comunidades de peixes tropicais. Tradução de Vazzoler, A.E.A. de M.; Agostinho, A.A. Cunnighan, P. São Paulo: Editora da Universidade de São Paulo, São Paulo.

Olson, Z. H.; Whittaker, D. G.; Rhodel JR, O. E. 2009. The use of molecular markers in wild sheep research in North America: a review. *Proceeding of the Northern Wild Sheep and Goat Council Biennial Symposium* 16:251–269.

Souza, M. R. F. 1982. Observações sobre o espectro alimentar de *Pimelodus maculatus* Lacépède, 1803 (Osteichthyes, Siluriformes, Pimelodidae) da represa de Três Marias, MG. *Anais da Associação Mineira de Aqüicultura*, 1: 12.

Promoção e Realização:



Apoio Institucional:



Organização:

