

DESENVOLVIMENTO E MAPEAMENTO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES PARA *Leiarius marmoratus* OBTIDOS POR MONTAGEM PARCIAL DO GENOMA POR MÉTODO *denovo*

Dárcia Gabriela Borcem da Costa¹; Daralyns Borges Macedo²; Ádria Diva dos Santos Pereira³; Regianne Maciel dos Santos Correa⁴; Hendrya Julianny Pereira Coelho⁵; Marília Danyelle Nunes Rodrigues^{1,6}.

1. Dárcia Gabriela Borcem da Costa, (Bolsista Mestranda), Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia Aplicada à Agropecuária, Universidade Federal Rural da Amazônia, e-mail: gabriela.borcem98@gmail.com; 2. Daralyns Borges Macedo; 3. Ádria Diva dos Santos Pereira; 4. Regianne Maciel dos Santos Correa; 5. Hendrya Julianny Pereira Coelho; 6. Marília Danyelle Nunes Rodrigues¹, Instituto Socioambiental e dos Recursos Hídricos/Universidade Federal Rural da Amazônia/Belém, e-mail: nunes.mdnunes@gmail.com.

RESUMO

A *Leiarius marmoratus*, denominada popularmente como “jundiá-da-amazônia”, apresenta grande potencial aquícola em programas de melhoramento genético para aumento de desempenho zootécnico relacionado ao vigor híbrido. Estações de piscicultura têm explorado comercialmente o híbrido “pintado-da-amazônia” obtido pelo cruzamento fêmea *Pseudoplatystoma punctifer* x macho *Leiarius marmoratus*. Desse modo, investigações genômicas são cruciais para maior exploração de *L. marmoratus* para desenvolvimento de pacotes tecnológicos. Assim, objetivou-se desenvolver marcadores microssatélites e desenho de primers para *L. marmoratus* como ferramenta para estudos populacionais e de melhoramento genético. Inicialmente, amostra de DNA de alto peso molecular foi submetida ao sequenciamento de nova geração pela plataforma Illumina, utilizando o sistema HiSeq™. O produto do sequenciamento foi avaliado pelo programa FastQc com relação aos parâmetros de qualidade média total por base, qualidade média por read e conteúdo GC das sequências. A filtragem de dados foi realizada para controle de qualidade de bases e remoção de adaptadores, baseada no score de Phred mínimo de 20. A montagem de novo do genoma realizada foi testada nos programas SOAPdenovo2 e SPADES, cuja qualidade dos produtos gerados foi verificada pelo programa QUAST. Para identificação dos marcadores microssatélites, foi utilizado o software MISA e o software EasySSR ambos com os parâmetros padronizados e indicados pelos mesmos, por fim foi utilizado o BatchPrimer3 para o desenho de primers com os parâmetros deflow do programa adaptados: tamanho de primers de 15-30 bp, conteúdo GC% 40-50, temperatura de anelamento de 55°C, com diferença de até 3°C entre primers. Após todas as etapas, foi obtido uma montagem com 225.027 contigs, N50 de 644 e um conteúdo GC de 41%. Um total de 221.273 motivos de microssatélites identificados pelo programa MISA, com maior frequência de pentanucleotídeos, se diferenciando do programa EasySSR que obteve um total de 145.601 microssatélites, com maior número do tipo dinucleotídeo, o que foi semelhante a outros estudos realizados em outras espécies de pescados, obtendo também 590 pares primers bem-sucedidos, de acordo com os parâmetros do programa. Comprovando a excelente utilidade de metodologias moleculares, para a obtenção de ferramentas moleculares e biotecnológicas como os SSRs, contribuindo em estudos de genética de populações, no controle da variabilidade genética, mapeamento, análise genômica e comparativa.

PALAVRAS-CHAVE: Bagre; Marcadores moleculares; Sequenciamento de próxima geração.