

Monitoramento genético dos estoques de reprodutores de peixes cultivados em uma piscicultura do Tocantins.

Diogo Teruo Hashimoto^{*}, Thiago F. Tardivo¹, Eduardo S. Varela², Luciana N. Ganeco²,
Anderson L. Alves², Fausto Foresti³, Fábio Porto-Foresti³

^{*}Pesquisador; Embrapa Pesca e Aquicultura; Av. Juscelino Kubitschek, 103 Sul, ACSO 1, Lote 17; 77015-012 - Palmas - TO; diogo.hashimoto@embrapa.br; ¹Aquicultura São Paulo, Brejinho de Nazaré, TO; ²Embrapa Pesca e Aquicultura, Palmas, TO; ³UNESP, Bauru, SP

A caracterização do perfil genético de estoques é um procedimento bastante recomendável para as estações de piscicultura que utilizam técnicas de melhoramento animal. Híbridos interespecíficos de peixes podem apresentar fertilidade e contaminar geneticamente os estoques através de introgressão, o que causará sérios prejuízos para as pisciculturas. O monitoramento dos programas de hibridação interespecífica consiste no uso de metodologias que possibilitam encontrar características diagnósticas que identifiquem, de maneira clara e acessível, parentais e híbridos. Desta forma, a proposta deste estudo foi de analisar geneticamente a pureza dos estoques de reprodutores cultivados em uma piscicultura do Tocantins, com a finalidade de identificar possíveis híbridos interespecíficos e fornecer subsídios para boas práticas de manejo neste empreendimento. Foram analisados 18 exemplares de Tambaqui *Colossoma macropomum*, 16 de Pirapitinga *Piaractus brachypomus*, 1 de Pacu *Piaractus mesopotamicus*, 8 de Cachara *Pseudoplatystoma fasciatum s.l.*, e 3 de Jandiá da Amazônia *Leiarius marmoratus*. Para a análise genética, utilizou-se o método molecular de PCR-Multiplex com os genes nucleares TROP (α -tropomiosina), RAG2 (*Recombination Activating Gene 2*) e GLOB (β -globina). Nas três espécies de peixes redondos (Tambaqui, Pirapitinga e Pacu) usadas como reprodutores, através dos resultados gerados pelo marcador nuclear TROP, verificou-se que todas as amostras tinham o padrão molecular de espécies puras, ou seja, cada espécie apresentou exclusivamente a banda diagnóstica de identificação (172 pb para Tambaqui, 269 pb para Pacu e 131 pb para Pirapitinga). As amostras de bagres tiveram os mesmos resultados através da utilização de dois marcadores nucleares (RAG2 e GLOB). Os resultados das análises mostraram que cada espécie apresentou exclusivamente o fragmento diagnóstico de identificação (RAG2: 277 pb para Cachara, e 170 pb para Jandiá; GLOB: 137 pb para Cachara), o que revela a pureza genética destes animais e também demonstra que não há híbridos interespecíficos nestes plantéis de reprodutores. Desta forma, com base nos marcadores aplicados para análise, todas as amostras foram consideradas puras e de acordo com a prévia identificação morfológica do piscicultor. A finalidade deste estudo é fornecer subsídios para que estas metodologias sejam aplicadas de forma rotineira e acessível nos programas de hibridação. Com o conhecimento do perfil genético desses animais, associado à aplicação de práticas corretas de manejo, os possíveis problemas decorrentes do uso de animais geneticamente manipulados podem ser evitados ou minimizados. Por fim, esses dados servirão como modelos para um manejo adequado destes animais, permitindo um desenvolvimento sustentável da aquicultura.

Palavras-chave: híbridos interespecíficos, marcadores moleculares, PCR-Multiplex

Apoio: CNPq e FAPESP