

VALIDAÇÃO DE MARCADORES MOLECULARES PARA SEXAGEM DE TILÁPIAS (*Oreochromis niloticus*) COM BASE NO GENE AMH/AMHY/AMH- DELTA-Y

Ana Beatriz Nunes Barbosa (Embrapa Pesca e Aquicultura Palmas (TO)/Instituto
Federal do Tocantins - Campus Palmas)

Rayllane Castro Pereira (Embrapa Pesca e Aquicultura Palmas (TO)/Instituto
Federal do Tocantins - Campus Palmas)

Fernanda Loureiro de Almeida O'Sullivan (Embrapa Pesca e Aquicultura Palmas
(TO))

Geice Ribeiro da Silva (Embrapa Pesca e Aquicultura Palmas (TO))

Kércia Sabino de Macêdo Valadares (Embrapa Pesca e Aquicultura Palmas
(TO)/Universidade Federal do Tocantins)

Bruno Corrêa da Silva (Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de
Santa Catarina - Epagri)

Raphael de Leão Serafini (Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de
Santa Catarina - Epagri)

Eduardo Sousa Varela (Embrapa Pesca e Aquicultura Palmas (TO))

O sistema de determinação sexual (SDS) em tilápias apresenta grande complexidade devido à sua origem genética heterogênea, efeitos ambientais e à eventos de introgressão entre espécies, o que torna o controle genético do sexo em operações da aqüicultura um grande desafio. Nesse contexto, utilização de marcadores moleculares com assinaturas estruturais ligadas ao Y pode viabilizar o controle de sexo na produção aqüícola das tilápias brasileiras baseadas em GIFT. Sendo assim, o objetivo do estudo foi validar marcadores derivados do gene Amhy/Amh-delta-y para sexagem precoce de tilápias *Oreochromis niloticus*, a fim de oferecer ferramentas confiáveis em programas de seleção assistida por marcadores moleculares (MAS). A extração de DNA foi realizada a partir de fragmentos de nadadeira caudal de amostras de seis grupos genéticos com sexo identificado morfologicamente, seguida de PCR com três marcadores descritos na literatura: Amh-delta-y.ExonVII, Amhy.Exon0YY e Amh.Exon02. Além de realizar os testes estatísticos básicos (testes de Fisher e Kruskal-Wallis) para comparar as taxas de acertos (TA) entre os marcadores e entre os grupos genéticos, os genótipos foram avaliados quanto à sensibilidade, especificidade, acurácia e curva de ROC a partir de escores simulados contínuos baseados no TA. Os marcadores Amh-delta-y.ExonVII (TA = 0,899 ± 0,08) e Amh.Exon02 (TA = 0,877 ± 0,112) demonstraram, em média, alta concordância com o sexo fenotípico, com desempenhos similares (P-valor > 0,05), sendo o contrário quando comparados com o Amhy.Exon0YY (0,638 ± 0,255, P-valor < 0,05), que apresentou baixo valor e grande variabilidade entre os grupos, com destaque para o U47, com apenas 21% de acerto, diferindo estatisticamente dos demais (P-valor < 0,05). O marcador Amh.Exon02 apresentou acurácia de 92,6%, sensibilidade de 95,7% e especificidade de 89,6%, enquanto Amh-delta-y.ExonVII obteve métricas igualmente elevadas, ambos com AUC acima de 0,89, sem diferenças estatísticas ao usar o teste DeLong's (P-valor > 0,05). Ao utilizar modelagem logística preditiva usando o modelo linear generalizado, demonstrou-se que a combinação dos dois (AUC = 0,85, AIC = 84,37) não aumentou o

desempenho, mesmo sendo o mais parcimonioso (Amh-delta-y.ExonVII: AUC = 0,898, AIC = 127,86 Amh.Exon02: AUC = 0,896, AIC = 131,49), apesar de ter apresentado o fator de inflação elevado (VIF > 70). Assim, os dois marcadores foram validados como eficazes e equivalentes, sendo Amh-delta-y.ExonVII recomendado em programas de seleção, com Amh.Exon02 como alternativa. Já o baixo desempenho de Amhy.Exon0YY reforça a influência do background genético, evidenciando a necessidade de validações adicionais e investigação de outros loci relacionados.