

Análise de expressão gênica do gene *slc45* em diferentes tipos de tecidos e pele de tambaqui (*Colossoma macropomum*)

Viana, Sâmara da Silva¹, Teotonio, Ronaldo Eller², Silva, Geice Ribeiro³, Varela, Eduardo Sousa⁴, O'Sullivan, Fernanda L. Almeida O'Sullivan⁴

Instituto Tocantinense de Educação Superior e Pesquisa (ITOP); ²Universidade Estadual Paulista Júlio Mesquita Filho (UNESP)- Faculdade de Ciências Agrárias do Vale Ribeira; ³Embrapa Pesca e Aquicultura

Resumo

O tambaqui é a segunda espécie mais produzida no Brasil, sendo a principal entre as nativas. Entretanto, os números da produção brasileira de tambaqui não têm aumentado nos últimos anos. Dentre os entraves da cadeia, destaca-se a ausência de tecnologias de alto impacto na produção. A edição genômica, revolucionada com a CRISPR/Cas9, permite a realização de modificações precisas no DNA dos organismos, causando a deleção ou introdução de sequências nucleotídicas específicas. O uso de marcadores de fenótipo rápido auxilia na aplicação da técnica e antecipa os resultados. A genética da pigmentação de pele e escamas em peixes é complexa. Existem pelo menos 17 genes, com algumas variantes alélicas, promotores da pigmentação em teleostes. Neste processo, dois dos genes são importantes: *slc45a2* e *slc24a5* (proteínas transmembrana carreadoras de soluto nos melanóforos). O objetivo deste trabalho foi avaliar o *slc45a2* como possível candidato a marcador fenotípico precoce do sucesso de microinjeções em ovos de tambaqui. Para isso, foram realizadas coletas de larvas e juvenis dessa espécie (de 4 horas pós-eclosão- hpe a 4 meses), além de 7 órgãos (incluindo a pele), somando um total de 96 amostras. O RNA total foi extraído e transcrito a cDNA para realização de qPCR (PCR quantitativa) para quantificação relativa do gene alvo e da *βactina* (usada como gene de referência) nos indivíduos. Não foi detectada expressão do *slc45a2* nas larvas com 4 hpe. Nas larvas com 15 e 23 dpe a expressão aumentou significativamente, alcançando níveis inclusive mais elevados que em amostras de pele coletadas de animais pigmentados. Isso se explica por que a expressão gênica é anterior à produção da proteína que ele codifica. Dentre os órgãos avaliados, baço, brânquia e fígado apresentaram expressão do *slc45a2* em tambaqui, enquanto que gônadas, coração e intestino tiveram baixa expressão. Em vertebrados, diferentes órgãos possuem pigmentos em diferentes quantidades e tipos dependendo da espécie ou variáveis ambientais a que estão expostos. Muito embora outros genes candidatos estejam sendo analisados, nossos resultados já demonstram que o *slc45a2* possa ser um excelente marcador fenotípico em co-injeções de CRISPR/CAs9 em trabalhos de edição genômica no tambaqui.

Palavras-chave: Pigmentação, Edição Genômica, Peixes.