



Caracterização *in silico* de genes parálogos do hormônio liberador de gonadotrofinas (GnRH) em tambaqui *Collossoma macropomum*

BANDEIRA, Izabel¹; PAIXÃO, Romulo Veiga²; SILVA, Gilvan Ferreira³; ALMEIDA, Fernanda Loureiro⁴

1 Universidade Estadual do Amazonas - izacbandeira@gmail.com; 2 Universidade Federal do Amazonas; 3, 4 Embrapa Amazônia Ocidental

O hormônio liberador de gonadotrofinas (GnRH) representa a sinalização molecular mais utilizada pelo cérebro para regular a síntese e liberação das gonadotrofinas hormônio folículo estimulante (FSH) e hormônio luteinizante (LH), desempenhando um importante papel na reprodução dos vertebrados. Atualmente são descritas quinze formas peptídicas de GnRH em vertebrados, sendo oito encontradas em peixes teleosteos, classificadas em três linhagens de genes parálogos *gnrh1*, *gnrh2* e *gnrh3*. Na linhagem do *gnrh1* agrupam-se diferentes peptídeos de GnRH que regulam a cascata reprodutiva em diferentes tipos de vertebrados. Nos peixes, essa função pode também ser desempenhada pelo *gnrh3*, que consiste em uma linhagem encontrada exclusivamente nesse grupo, codificando a forma peptídica do salmão do Atlântico *Salmo salar* (sGnRH). O presente estudo objetivou identificar e caracterizar os diferentes peptídeos e genes parálogos para o GnRH na espécie tambaqui *Collossoma macropomum*, caracídeo nativo da bacia amazônica e de importância para a aquicultura Brasileira. Para isso, foram utilizados o genoma de referência da espécie, transcriptomas de ovário e testículo de adultos e do corpo inteiro de juvenis em diferenciação, disponíveis no GenBank sob acesso: CAJGBK01 e GSE130895. As buscas no genoma do tambaqui foram realizadas com a ferramenta Tblastn e as sequências de proteínas de GnRH da espécie *Pygocentrus nattereri* foram utilizadas como *query*. Três sequências foram manualmente comparadas com seus transcritos no software Unipro UGENE v. 35.1 para predição das sequências de éxons, junções de splicing dos íntrons, CDS e proteínas. A análise bayesiana das proteínas e a sintenia dos genes revelam a presença das três linhagens parálogas no genoma tambaqui (*cmgnrh1*, *cmgnrh2* e *cmgnrh3*) que codificam os peptídeos sbGnRH (*seabream*), cGnRH-II (*chicken-II*) e sGnRH (*salmon*). Os transcritos do gene *cmgnrh3* (sGnRH) possuem uma mutação do tipo *frameshift*, originando um códon de parada prematura no início do éxon 2, o qual contém a informação para produção do peptídeo de sGnRH. Apesar deste fato indicar uma possível pseudogenização, o gene ainda exibe níveis elevados de transcrição no bulbo olfatório de machos e fêmeas, apresentando expressão diferenciada para ovários em início da puberdade, sugerindo um papel funcional a ser investigado, uma vez que faltam na literatura trabalhos com essa abordagem, para a caracterização filogenômica e funcional dos três *gnrh*'s da principal espécie nativa brasileira.

Palavras-chave: GnRH, Reprodução, Tambaqui



AQUACIÊNCIA
— digital —
2021

9ª Edição - AQUACIENCIA DIGITAL 2021
14 a 16 de Setembro