

ANÁLISE PRELIMINAR DE GENES ASSOCIADOS À REPRODUÇÃO NO GENOMA DO PIRARUCU (*Arapaima gigas*) COMO SUBSÍDIO PARA ESTUDOS TRANSCRIPTÔMICOS SINGLE-CELL

Andre Silverio Pereira (Embrapa Pesca e Aquicultura, Rede de Biodiversidade e
Biotecnologia da Amazônia Legal-Bionorte)

Luiz Fagner Ferreira Nogueira (Embrapa Pesca e Aquicultura)

Vito Antonio Mastrochirico Filho (Embrapa Pesca e Aquicultura)

Fernanda Loureiro de Almeida O`Sullivan (Embrapa Pesca e Aquicultura) **Eduardo
Sousa Varela** (Embrapa Pesca e Aquicultura)

Luciana Nakaghi Ganeco Kirschnik (Embrapa Pesca e Aquicultura)

Lucas Simon Torati (Embrapa Pesca e Aquicultura)

O pirarucu (*Arapaima gigas*) é uma espécie pouco explorada, sobretudo em aspectos ligados à reprodução. A elucidação dos mecanismos genéticos e regulatórios associados à reprodução desta espécie é estratégica para o avanço da produção aquícola e conservação da espécie. O presente trabalho buscou investigar de forma preliminar, genes candidatos à reprodução no genoma do pirarucu, como base para futuros trabalhos de transcriptômicas e epigenômicas de célula única (snRNA-seq e ATAC-seq). Foram selecionados genes descritos na literatura como associados à reprodução em teleósteos. As sequências de proteínas de referência foram recuperadas de bases públicas (NCBI) e utilizadas em buscas de homologia via BlastP contra o genoma anotado de *A. gigas* (AGIG_2.1). A triagem foi conduzida com base em parâmetros de qualidade do alinhamento (E-value), cobertura de consulta (query cover) e identidade de sequência, de modo a assegurar a robustez da correspondência entre as proteínas de referência e os loci genômicos do pirarucu. Foram identificados 143 genes com forte correspondência no genoma de *A. gigas*. Grande parte dos alinhamentos apresentou cobertura superior a 80% e identidade acima de 70%, com valores de E-value altamente significativos ($<10^{-50}$), sugerindo conservação molecular dos principais genes de reprodução entre teleósteos. Dentre os genes recuperados, destacam-se fatores de transcrição envolvidos na diferenciação gonadal (sox9, dmrt1, foxl2), enzimas-chave como a aromatase (cyp19a1), além de receptores hormonais relacionados ao eixo hipotálamo-hipófise-gônada (receptores de LHCGR, FSHR e GNRHR). Também foram observadas proteínas regulatórias como ligases e conjugases de ubiquitina, sugerindo a presença de vias de controle pós-traducional ligadas à gametogênese. A análise de enriquecimento funcional (ShinyGO) reforçou esses achados, indicando maior frequência em processos como biogênese ribossômica, processamento de rRNA, domínios PDZ e atividades quinase (GHMP, mevalonato/galactocinase), todos relacionados a funções celulares críticas e potencialmente associados à regulação da reprodução em teleósteos. A análise preliminar aqui apresentada fornece uma primeira visão dos potenciais genes reprodutivos do pirarucu e estabelece um painel de candidatos prioritários para investigações posteriores. Abordagens transcriptômicas e epigenômicas de célula única (snRNA-seq) constituem ferramentas robustas para avaliar a dinâmica espaço-temporal da expressão gênica em tecidos gonadais, possibilitando a identificação de padrões regulatórios ainda não descritos para *A. gigas*. A integração com análises de

enriquecimento funcional sugere que os genes ortólogos identificados participam de vias nucleares e biossintéticas centrais, reforçando a relevância desse painel gênico para o estudo do controle reprodutivo e para o delineamento de estratégias experimentais inovadoras voltadas ao manejo reprodutivo e à conservação do pirarucu.