

**ESTUDOS DE EXPRESSÃO GÊNICA PARA SUBSIDIAR A EDIÇÃO
GENÔMICA EM TAMBAQUI (*Colossoma macropomum*) COM FOCO EM
DESEMPENHO PRODUTIVO E AUSÊNCIA DE ESPINHAS EM Y**

Ádria Silva Gomes (Programa de Pós Graduação em Ciência Animal e Recursos
Pesqueiros - PPGCARP/UFAM)

Jucélia Denise Pereira (Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia - IFTO
Palmas/TO)

Gabriela Tomas Jerônimo (Programa de Pós Graduação em Ciência Animal e
Recursos Pesqueiros - PPGCARP/UFAM)

Eduardo Sousa Varela (Embrapa Pesca e Aquicultura - CNPASA, Palmas/TO)

Fernanda L. de Almeida O'Sullivan (Embrapa Pesca e Aquicultura - CNPASA,
Palmas/TO)

O tambaqui *Colossoma macropomum* é a principal espécie nativa na aquicultura brasileira. Entretanto, sua cadeia produtiva ainda requer linhagens com maiores indicadores de produtividade, a fim de impulsionar o crescimento da atividade. Para isso é necessário o uso de biotecnologias disruptíveis e de efeitos imediatos. A edição genômica (EG), favorecida pelo uso da CRISPR/Cas9, podem realizar modificações propositas e precisas no genoma dos indivíduos de forma rápida, eficiente e herdável, gerando características permanentes e fenótipos desejados. Contudo, a possível ocorrência de efeitos fora do alvo (off-target) podem comprometer a saúde e o bem-estar dos peixes. Uma forma prática e eficiente de prever tais efeitos, é realizar análises de expressão gênica (qPCR) em diferentes tecidos (tissue screening). Neste trabalho avaliamos a expressão de cinco genes envolvidos no ganho de peso e na formação das espinhas intermusculares (IBs) em oito órgãos vitais do tambaqui (coração, fígado, intestino, testículo, ovário, músculo, rim e brânquia) como subsídio para programas de EG na espécie. Para isso, o RNA total de cada órgão foi extraído, tratado com DNase para eliminar possível contaminação com DNA genômico e posteriormente transcrito a cDNA. Ensaio de qPCR foram desenhados para cada gene e validados em diluição seriada de pools de cDNAs de músculo de tambaqui. O método DDcT foi aplicado para análise. Todos os cinco genes tiveram alta expressão em tecido muscular. Dentre eles, dois foram expressos exclusivamente em músculo, ambos relacionados à formação das IBs (genes 1 e 2). Outro gene também envolvido na via molecular das IBs apresentou transcrição semelhante ao músculo no fígado, brânquia e testículo (gene 3). Já os dois genes envolvidos no crescimento muscular apresentaram, além da alta transcrição no músculo, expressão significativa em testículo e ovário (genes 4 e 5). Os resultados obtidos até o momento sustentam a indicação de dois genes candidatos, potencialmente sem efeitos off-target, associados à eliminação das IBs em tambaqui, um dos principais entraves ao consumo e processamento desta espécie. Por outro lado, para o fenótipo de ganho de peso, os dois genes escolhidos precisam de análises complementares para verificar um possível envolvimento na gametogênese do tambaqui. Caso essa hipótese se confirme, será necessário considerar outras vias gênicas associadas ao crescimento e/ou ganho de peso. Essas evidências reforçam a importância de estratégias integradas de genômica funcional, e de redes de

coexpressão gênica, visando elucidar mecanismos moleculares responsáveis por fenótipos de interesse e seu uso em pesquisas de biotecnologia aplicada.