

## TISSUE SCREENING DA EXPRESSÃO DO GENE DA MIOSTATINA EM TILÁPIA (*Oreochromis niloticus*): FUNDAMENTOS PARA APLICAÇÃO DA CRISPR/CAS9 NA ESPÉCIE

**Izadora Silva Lindoso** (EMBRAPA Pesca e Aquicultura-Palmas (TO); Universidade  
Federal do Tocantins-UFT)

**Rômulo Veiga Paixão** (EMBRAPA Pesca e Aquicultura-Palmas (TO)) **Mykauana  
Alves Vila Nova** (EMBRAPA Pesca e Aquicultura-Palmas (TO); Mestranda,  
Universidade Federal do Tocantins-UFT)

**Eduardo Sousa Varela** (EMBRAPA Pesca e Aquicultura-Palmas (TO))

**Fernanda Loureiro de Almeida O'Sullivan** (EMBRAPA Pesca e Aquicultura-Palmas  
(TO))

A tilápia-do-Nilo (*Oreochromis niloticus*) destaca-se como uma das principais espécies da aqüicultura mundial devido ao rápido crescimento, rusticidade e programas consolidados de melhoramento genético. Nesse contexto, a edição genômica (EG) surge como uma ferramenta estratégica para ampliar ainda mais seu desempenho produtivo, possibilitando avanços no crescimento muscular e eficiência alimentar, dentre outros. A miostatina (MSTN), regulador negativo da hipertrofia e hiperplasia das fibras musculares, surge como alvo estratégico: se ausente pode acarretar um aumento expressivo da massa muscular do peixe, se tornando, assim, um alvo estratégico para nocaute por EG. Entretanto, para evitar efeitos indesejáveis da EG, é necessário primeiramente compreender o padrão de expressão tecidual do gene *mstn*. Para isso, nosso objetivo foi caracterizar a expressão dos genes ortólogos da miostatina (*mstna* e *mstnb*) em diferentes tecidos de tilápias machos e fêmeas. O RNA total de oito órgãos (cérebro, fígado, rim, brânquia, TGI, músculo, ovário e testículo) foi extraído com Trizol, tratado com DNase (eliminação de possível contaminação com DNA genômico) e transcrito a cDNA. Ensaios de qPCR foram desenhados para cada gene e validados em diluição seriada de pools de cDNAs. O método DDcT foi aplicado para análise. A expressão gênica das cópias *mstna* e *mstnb* apresentou um padrão distinto e tecido-específico em tilápias. Observou-se que *mstna* é altamente expressa no cérebro, seguida por níveis relevantes em testículo, trato gastrointestinal e fígado, enquanto sua expressão no músculo esquelético foi discreta. Em contraste, *mstnb* exibiu maior expressão no músculo esquelético de machos, com diferença significativa em relação às fêmeas, além de níveis elevados em cérebro, gônadas e trato gastrointestinal. Esse perfil diferencial sugere que: ambos genes parecem desempenhar papéis no sistema nervoso central e em processos reprodutivos; que a *mstnb* mantém uma função mais diretamente associada ao tecido muscular, sem descartar possíveis funções em outros órgãos. A expressão basal detectada em diferentes tecidos e a ausência em alguns reforçam a hipótese de tecido-específico e multifuncional dessas cópias. Em conjunto, tais achados fornecem subsídios importantes para futuras estratégias de edição gênica em tilápias, sobretudo considerando os potenciais implicações neurológicas e reprodutivas da manipulação de *mstna* e *mstnb*.