



RESUMOS DE PESQUISA 124

19 a 23 de outubro de 2020
Anais do ENEPE
ISSN 1677-6321

Unoeste

RESUMOS DE PESQUISA

CARACTERIZAÇÃO DO TRANSCRIPTOMA DO MÚSCULO ESTRIADO ESQUELÉTICO DO PACU (PIARACTUS MESOPOTAMICUS) JUVENIS E ADULTOS.....	125
IDENTIFICAÇÃO E VALIDAÇÃO DE GENES DA VIA DO ANABOLISMO MUSCULAR DE PEIXES NEOTROPICAIS	126

Pesquisa (ENAPI)

UNIVERSIDADE DO OESTE PAULISTA - UNOESTE

Comunicação oral on-line

Ciências Biológicas

Genética

CARACTERIZAÇÃO DO TRANSCRIPTOMA DO MÚSCULO ESTRIADO ESQUELÉTICO DO PACU
(PIARACTUS MESOPOTAMICUS) JUVENIS E ADULTOS

VICTOR HUGO GARCIA DE OLIVEIRA

ANA CAROLINA PRETO MALAMAN

CAIO PIRES GUARNIER

EDSON ASSUNÇÃO MARECO

O pacu (*Piaractus mesopotamicus*) apresenta excelentes características zootécnicas como rápido crescimento, parâmetro que está diretamente relacionado com o aumento da musculatura estriada esquelética. No pacu, espécie que não possui o genoma sequenciado, esta falta de informação genética dificulta a realização de pesquisas relacionadas com a identificação das vias de sinalização que regulam o desenvolvimento, o crescimento e a manutenção do fenótipo muscular. A utilização de sequenciamento de próxima geração (Next-Generation Sequencing), tem se tornado muito efetivo e com progressivo aumento da cobertura, para a obtenção de sequências dos genes transcritos (transcriptoma de novo) em espécies de peixes não modelo como o pacu. Neste trabalho, buscamos avaliar diferenças em vias genicas e entre a musculatura de adultos e juvenis de pacu (*Piaractus mesopotamicus*). Em nosso estudo restringimos nas análises in silico (ferramentas computacionais), ou seja, não realizamos nenhum procedimento com animais. Os dados utilizados foram obtidos em bancos de dados especializados (NCBI), oriundos de trabalhos publicados e realizados por outros grupos de pesquisa. Após o download das sequências brutas (reads), os dados foram avaliados quanto à qualidade (fastqc e trimmomatic). Em seguida foi realizada a montagem denovo do transcriptoma (Trinity), utilizando os reads de pacus juvenis e adultos disponíveis na literatura. Nossos resultados preliminares, demonstraram uma montagem com menor número de contigs (128.780 sequencias) em comparação com outros estudos desenvolvidos com a mesma espécie e o mesmo tecido (504.000). Além disso, nossos resultados de N50 foram inferiores (1.923pb) quando comparados com a literatura (2.772pb). No entanto em termos de anotação gênica, nossos resultados foram superiores (55% de contigs anotados), enquanto que a anotação realizada em outros estudos foi de aproximadamente 45%. Consideramos que nossa abordagem irá possibilitar gerar uma sequência referência do transcriptoma para o estudo da expressão gênica e identificação de duplicações de genes (parálogos), resultantes do evento de duplicação do genoma nas linhagens bases de teleósteos, e polimorfismos de base única (SNPs) falsos e verdadeiros, além de permitir futuras análises com espécies filogeneticamente relacionadas. Nossos resultados demonstram a necessidade do uso de outros programas de montagem de transcriptoma denovo. Órgão de fomento financiador da pesquisa: Processo FAPESP 2019/23690-9

IDENTIFICAÇÃO E VALIDAÇÃO DE GENES DA VIA DO ANABOLISMO MUSCULAR DE PEIXES
NEOTROPICAIS

NIKOLAS CORDEIRO PEREZ ALVES
POLLYANA COELHO DOS SANTOS
ROBSON DIEGO SILVA GONCALVES
EDSON ASSUNÇÃO MARECO

Colossoma macropomum (tambaqui) e *Piaractus mesopotamicus* (pacu) apresentam características desejáveis para o ambiente de cultivo. Os genótipos possuem grande variação relacionadas à adaptação à temperatura de cultivo. O tambaqui apresenta maior taxa de crescimento e o pacu se adapta melhor a temperaturas mais baixas. Considerando o tambacu, este apresenta características que se sobrepõem às observadas em tambaqui e pacu e, portanto, mais adequado para o ambiente de cultivo. As informações genéticas desses genótipos são extremamente escassas em bancos de dados especializados. Objetivamos caracterizar o transcriptoma (RNAs mensageiros transcritos) do músculo branco dos três genótipos e em seguida, realizar uma análise comparativa do transcriptoma. O estudo foi aprovado pela CEUA/UNESP (nº 506). Os peixes foram adquiridos de um centro de produção comercial localizado na cidade de Presidente Prudente - SP e mantidos em caixas de d'água de 500l acoplados a um sistema de recirculação. Após uma semana de adaptação, os animais foram abatidos de acordo com os princípios éticos preconizados para a espécie. Utilizando a análise de RNA-Seq caracterizamos o transcriptoma do músculo de Pacu, Tambaqui e tambacu. Além disso, utilizamos diversas ferramentas de bioinformática para a anotação, comparação e expressão diferencial. O processo de sequenciamento nos permitiu obter muitas leituras (reads). O total de contigs anotados foram 37.285, 96.738 e 158.709 para pacu, tambaqui e tambacu. Em seguida, foi realizada uma análise comparativa do transcriptoma dos três genótipos. Além disso, avaliamos o perfil de expressão diferencial (in silico) dos transcritos entre os genótipos avaliados (PC X TC = 13489; PC X TQ = 13469 e TC X TQ = 845) e o grau de similaridade entre as sequências de nucleotídeos entre os genótipos; utilizando as informações de todas as sequências expressas avaliamos a intensidade e o padrão de expressão entre os genótipos. Também a partir da análise de sequências expressas, selecionamos genes alvos relacionados a processos celulares importantes para avaliação e validação futura por RTqPCR. Assim, os mecanismos moleculares subjacentes a esses "efeitos híbridos" podem estar relacionados às interações regulatórias aditivas e, em alguns casos, alterações dominantes entre os alelos parentais que atuam diretamente na regulação gênica nos transcritos do híbrido. As variações observadas podem estar relacionadas aos níveis de expressão gênica. Protocolo CEUA: 506.