



Identificação de genes com expressão diferencial entre machos e fêmeas de larvas de jundiá *Rhamdia quelen* no período de pré-diferenciação sexual

Amaral, Aldessandro C., Hattori, Ricardo S., Butzge, Arno J., Yoshinaga, Tulio T., Ganeco-Kirschnik, Luciana N., Almeida, Fernanda L.

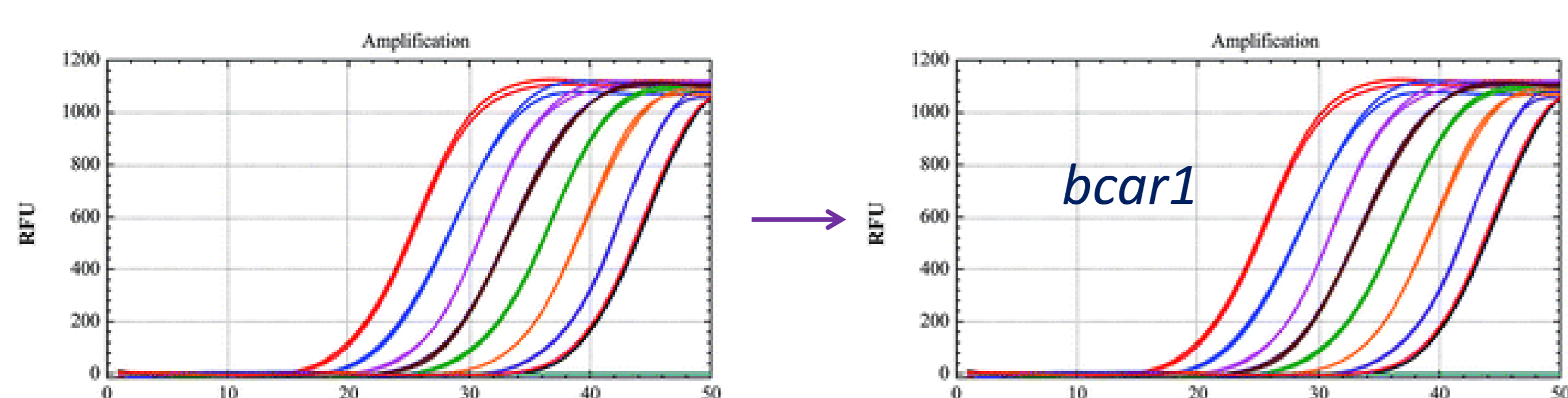
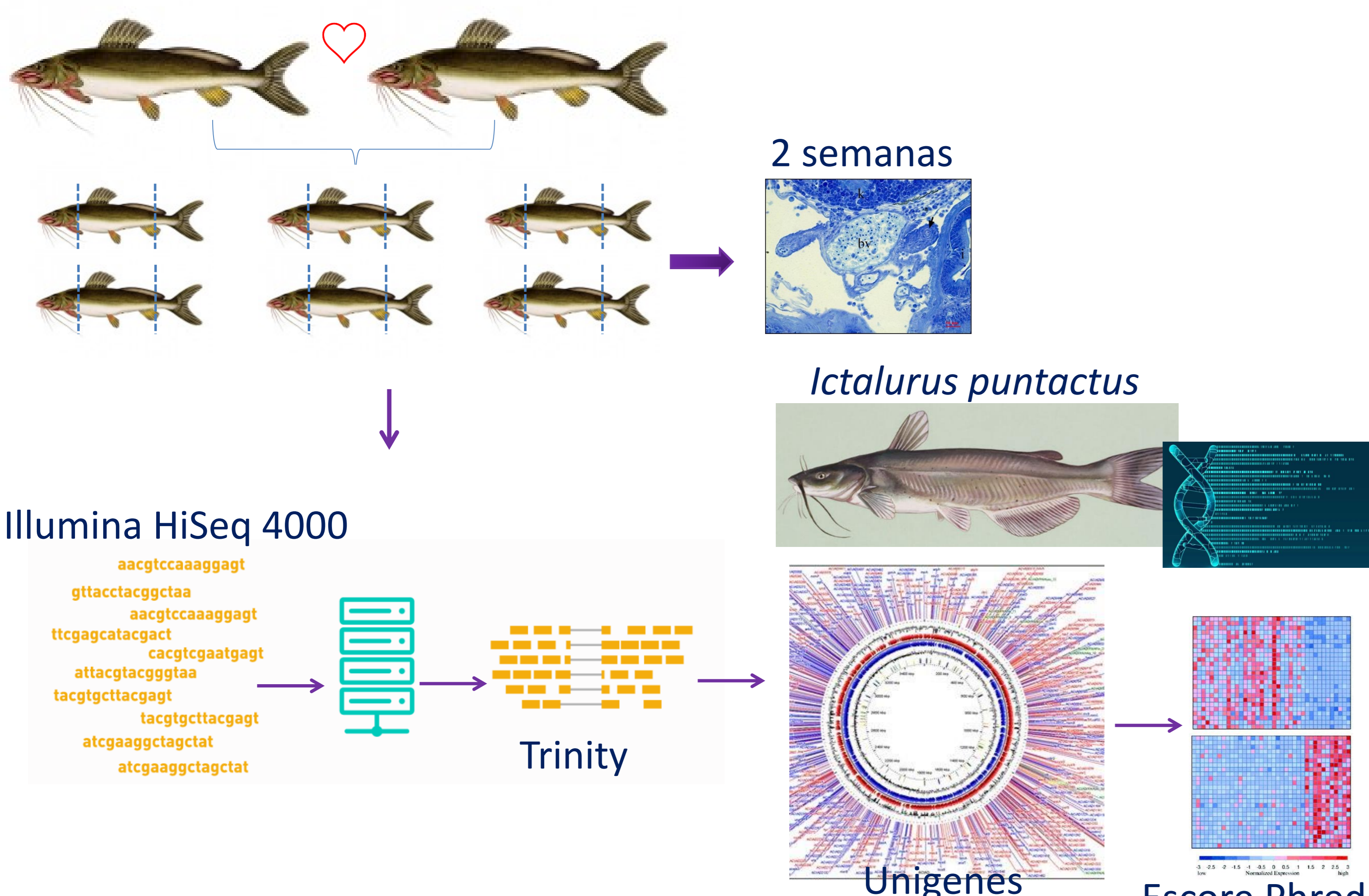
Universidade Federal do Amazonas; Embrapa Amazônia Ocidental, Embrapa Pesca e Aquicultura, Instituto de Pesca Campos do Jordão

INTRODUÇÃO

O jundiá *Rhamdia quelen* é um bagre de água doce de médio porte com grande importância econômica para a pesca e aquicultura na América do Sul. Por apresentarem puberdade e maturação sexual mais tardias que os machos, as fêmeas têm melhores índices de desempenho na engorda. Isso tem despertado o interesse da indústria pela criação de populações monosexo femininas, visando melhorias nos índices de produção. Entretanto, ainda faltam informações sobre os processos de determinação e diferenciação sexual do jundiá.

Como o *bcar1* é o principal candidato a sex master gene em machos de bagre do canal *Ictalurus punctatus* (Bao et al., 2019), neste trabalho montamos uma biblioteca transcriptômica de troncos de jundiá indiferenciados para identificar os possíveis machos e fêmeas por expressão gênica diferencial, para finalmente realizar um PCR quantitativo (qPCR) para quantificar a expressão do *bcar1* nestes indivíduos.

METODOLOGIA



4 prováveis machos
2 prováveis fêmeas

RESULTADOS

- ✓ 393,9 milhões de reads de alta qualidade montados em
- ✓ 358.262 contigs com comprimento N50 de 2169 pb;
- ✓ 97.033 genes anotados;
- ✓ Baseado na expressão de *cyp19a1a* e *amh*, as amostras foram agrupadas em prováveis machos (PM; n = 4) e fêmeas (PF; n = 2);
- ✓ 8573 genes diferencialmente expressos (por análise DeSeq)
- ✓ 1409 genes com alta expressão no grupo de PF (acima de 2.14 fold change; Fig.1);
- ✓ somente 43 genes de alta expressão no PM;
- ✓ *bcar1* apresentou maior expressão no grupo de PF (Fig. 2);
- ✓ Entretanto... Encontramos anotação de *bcar1* em outro locus na montagem de novo, o que instiga mais investigações acerca do papel deste gene no processo de diferenciação sexual de jundiá.

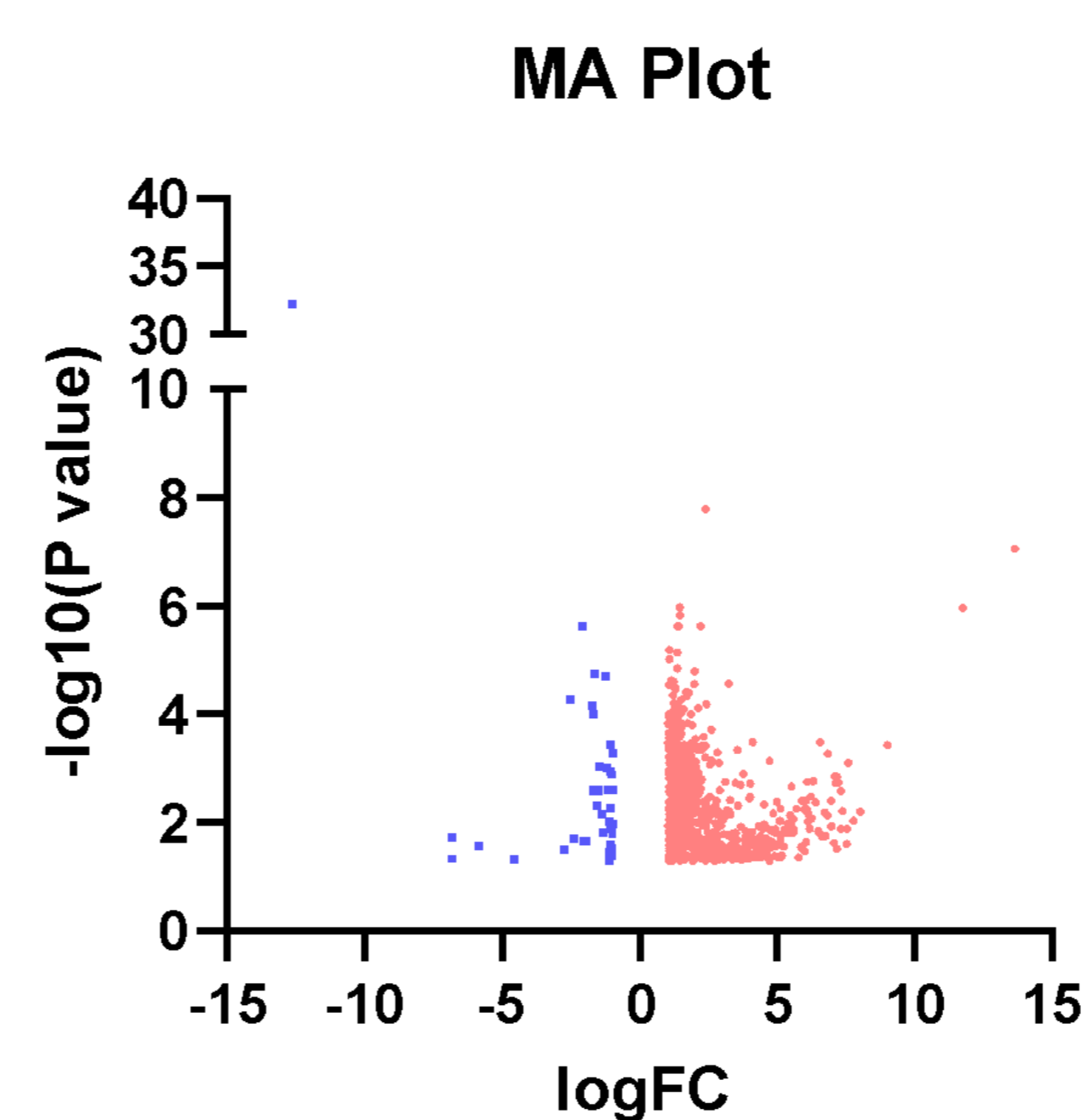


Fig. 1. MA plot de genes altamente regulados em fêmeas (vermelho) e machos (azul) de jundiá pré-diferenciação (FC de -2 a 2; $p \geq 0.05$).

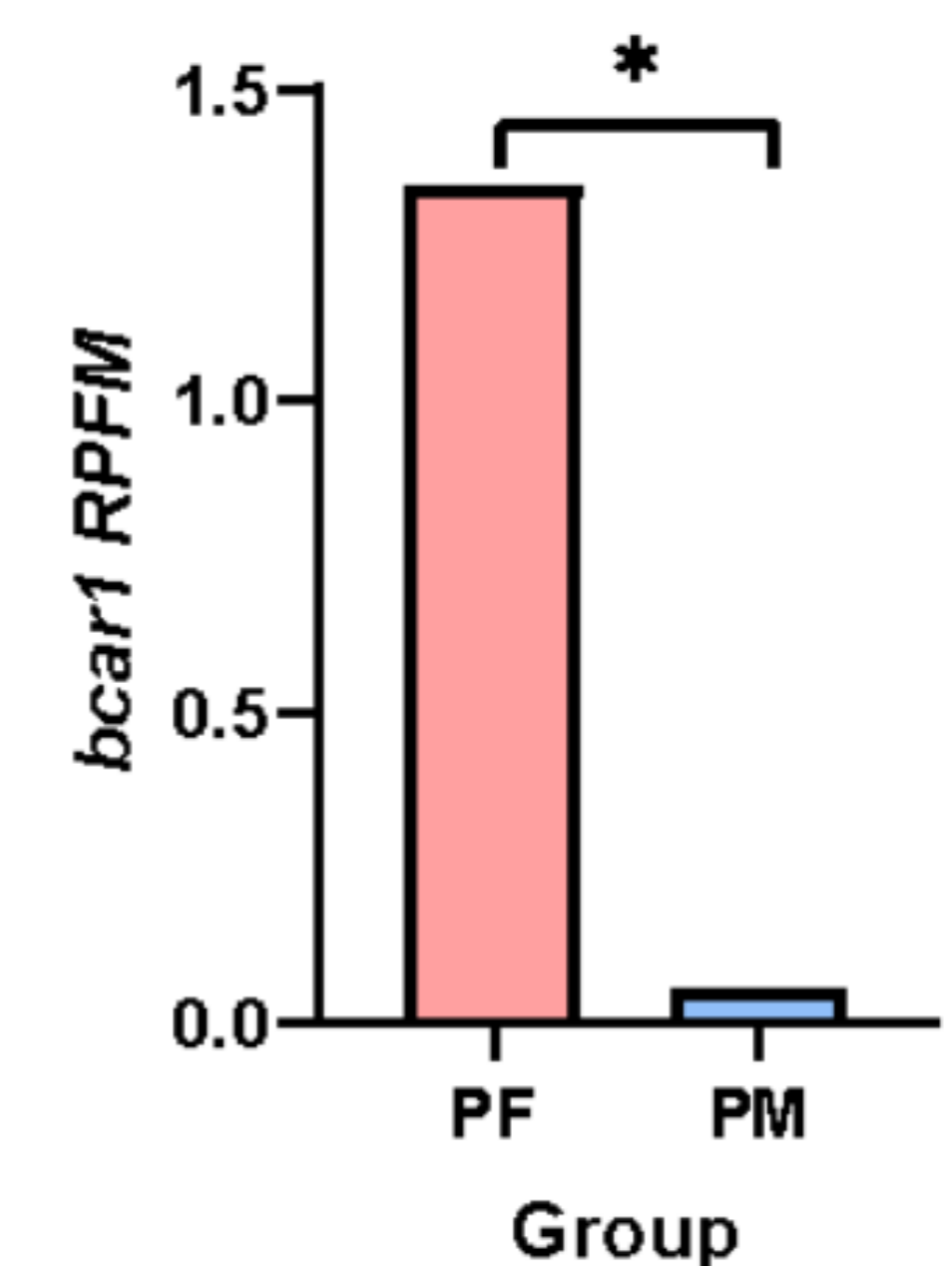


Fig. 2. Expressão do *bcar1* baseado em RPKM em fêmeas (vermelho) e machos (azul) de jundiá pré-diferenciação.

CONCLUSÕES

Até o momento identificamos que as vias de diferenciação sexual do jundiá parecem não serem conservadas com outras espécies de bagres. Entretanto, mais análises desta nova biblioteca de RNAseq devem ser realizadas para identificação da principal via de feminização na espécie.