

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

Autor(es):

Amaral, Aldessandro C. (Programa de Pós-graduação em Ciências Pesqueiras nos Trópicos, Universidade Federal do Amazonas, Manaus, Brasil), Hattori, Ricardo S. (Regional Fish Institute, Ltd. Kyoto, Japan Department of Research and Development. Japan.), Butzge, Arno J. (Departamento de Biologia Estrutural e Funcional, Universidade Estadual Paulista, Botucatu, Brasil), Yoshinaga, Tulio T. (Departamento de Cirurgia, Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, São Paulo, Brasil), Ganeco-Kirschnik, Luciana N. (EMBRAPA Pesca e Aquicultura, Palmas, Tocantins, Brasil), O'Sullivan, Fernanda L. A. (EMBRAPA Amazônia Ocidental, Manaus, Amazonas, Brasil)

Resumo do Tema:

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 de jundiá têm melhores índices de desempenho na engorda, principalmente em crescimento e ganho de peso. Isso tem despertado o interesse da indústria pela criação de populações monosexo femininas para melhorar a produtividade do cultivo da espécie. Entretanto, para o desenvolvimento de técnicas de população monosexo de peixes, é necessário a caracterização dos processos de determinação e diferenciação sexual de cada espécie alvo. Por esta razão, identificamos morfológicamente o período de diferenciação gonadal da espécie e, neste trabalho, montamos uma biblioteca transcriptômica de jundiás (sem cabeça) na fase de pré-diferenciação sexual (i. e. com 4 semanas de idade) com o objetivo de identificar os principais genes envolvidos na diferenciação do jundiá. Um total de 393,9 milhões de reads de alta qualidade foram montados em 358.262 contigs com comprimento N50 de 2169 pb e um total de 97.033 genes. Baseado na expressão de *cyp19a1a* e *amh*, as amostras foram agrupadas em prováveis machos (PM; n = 4) e fêmeas (PF; n = 2). A análise DeSeq identificou 8573 genes diferencialmente expressos. A filtragem por fold-change acima de 2 resultou em 1409 genes com alta expressão no grupo de PF e somente 43 no PM. Para validação inicial, 5 genes foram selecionados para PCR quantitativa: *bcar1*, considerado um forte candidato para determinação sexual em machos de bagre do canal *Ictalurus punctatus* (Bao et al., 2019), *cyp19a1a*, *amh*, *sycp3* e *hsd3b*. Entretanto, o gene *bcar1* apresentou maior expressão no grupo de PF, juntamente com *hsd3b* (*amh* e *cyp19a1a*), enquanto que *sycp3* estava regulado positivamente nos futuros machos, como esperado. Assim, até o momento identificamos que as vias de diferenciação sexual do jundiá não são conservadas com outras espécies de bagres. Entretanto, as análises destes dados gerados de RNAseq devem ser mais aprofundados para identificação da principal via de feminização na espécie. Bao L, et al. The Y chromosome sequence of the channel catfish suggests novel sex determination mechanisms in teleost fish. BMC Biol. 2019 Jan 25;17(1):6. doi: 10.1186/s12915-019-0627-7. PMID: 30683095; PMCID: PMC6346536.