

QUANTIFICAÇÃO DE TRANSCRITOS DO GENE SRF (*SERUM RESPONSE FACTOR*) DURANTE O DESENVOLVIMENTO DE *COLOSSOMA MACROPOMUM* (TAMBAQUI) (APOIO SANTANDER)

Aluna: Adrielle Cardoso Moraes

Orientadora: Profa. Dra. Fernanda Antunes Alves-Costa

Curso: Ciências Biológicas

Campus: Bauru

Os eventos relativos ao crescimento muscular esquelético em peixes são regulados pela expressão diferencial de fatores transcricionais, tais como os da família MADS-box, constituída pelo fator SRF (*Serum Response Factor*). O estudo objetivou obter amostras de larvas de *Colossoma macropomum* (tambaqui), em fases iniciais de desenvolvimento, e amostras de RNAs totais dessas larvas, para determinar o padrão quantitativo de expressão de transcritos de SRF. A revelação de novos dados sobre a caracterização da expressão inicial de SRF em peixes proporcionará melhor entendimento sobre os eventos moleculares de crescimento muscular. Portanto, foram realizadas revisões bibliográficas, obtenção do material biológico (larvas de tambaquis de 2, 5, 7 e 9 dias após fertilização – dpf) e metodologias moleculares para obtenção de amostras de RNAs totais por extração com *Trizol Reagent* (*Life Technologies*) e os seus respectivos cDNAs, por tratamento de amostras com *DNAse I* (Promega) e transcrição reversa das mesmas (Promega). Neste estudo, foi possível obter amostras de RNAs totais de concentrações médias de 253,8 a 755,3 ng/uL e razões médias entre as absorvâncias de 260 e 280 nm de 1,54 a 1,83, o que evidencia quantidades significativas de RNAs de boa qualidade, para uso em reações de PCR (Reação em Cadeia da Polimerase) em Tempo Real. Os dados são preliminares, mas auxiliarão a obtenção de dados sobre a expressão gênica de SRF e para melhor entendimento sobre regulação do crescimento muscular e melhoramento da produção de tambaqui,

quanto ao estabelecimento de novas estratégias que beneficiem seu maior crescimento.