



ANÁLISE FILOGENÉTICA DA SEQUÊNCIA CODIFICADORA DO NEUROPEPTÍDEO Y DO LINGUADO *Paralichthys orbignyanus*

Autor(es): BEGNINI, Karine Rech; KAEFER, Cristian; CAMPOS, Vinicius; LEON, Priscila Marques Moura; COLLARES, Thaís; AMARAL, Marta; MARINS, Luis Fernando; ROBALDO, Ricardo; DESCAHMPS, João Carlos; COLLARES, Tiago

Apresentador: Karine Rech Begnini

Orientador: Tiago Collares

Revisor 1: Luciano da Silva Pinto

Revisor 2: Sibeles Borsuk

Instituição: Universidade Federal de Pelotas

Resumo:

O consumo de alimentos em vertebrados é um processo complexo que envolve diversas rotas neurais, nas quais o neuropeptídeo Y (NPY) desempenha papel chave. O NPY é abundantemente expresso no sistema nervoso e é considerado o mais importante estimulador de apetite em mamíferos, além de ser um importante fator de liberação do hormônio do crescimento em peixes. A caracterização de um peptídeo regulador de apetite em peixes deve levar em conta sua filogenia, estado fisiológico e ambientes habitados. O linguado, *Paralichthys orbignyanus*, habita estuários e águas costeiras desde o Rio de Janeiro (Brasil) até o Mar da Prata (Argentina) e é capaz de suportar uma gama elevada de variações na salinidade, temperatura e concentração de nitrogênio na água, o que faz com que possua um bom potencial para aquicultura. No entanto, o papel do neuropeptídeo Y na regulação do comportamento alimentar do linguado é desconhecida, e a análise filogenética da sequência codificadora do gene para este peptídeo (sbGnRH) é essencial para a confirmação da sua clonagem. Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi realizar a análise filogenética da sequência codificadora do neuropeptídeo Y em linguado brasileiro. Sequências codificadoras do gene sbGnRH, incluindo a sequência de *P. orbignyanus*, foram alinhadas usando o programa Clustal X, e a análise filogenética foi realizada utilizando o Phylogeny Inference Package (PHYLYP 3.6) e o método de máxima parcimônia. Também foi realizada análise de bootstrapping usando 1000 interações intraespecíficas, através do programa Seqboot. A espécie *Xenopus laevis* foi utilizada como outgroup neste trabalho. A árvore filogenética resultante da análise das sequências do gene sbGnRH revelou que o NPY encontrado no linguado brasileiro é semelhante e classificado no mesmo grupo que o NPY de peixes acantomórficos (linguado japonês, solha, garoupa, robalo, perca chinesa e bacalhau do Atlântico), enquanto que o neuropeptídeo Y dos bagres e dos peixes ciprinícolas (dourado e zebrafish) encontra-se em outro grupo de classificação. Esta avaliação permitiu confirmar que a sequência clonada é realmente a região codificadora do NPY do linguado. Este trabalho dará suporte a estudos que usarão esta sequência para avaliação da expressão gênica do NPY em relação aos eventos de regulação da ingestão de alimentos no linguado.