

Developmental Expression of *dlx5a* and *chm* in Zebrafish

Expression développementale de *dlx5a* et *chm* chez le poisson-zèbre

Maïka Harvey^{1*}, Ben Harrison¹, Kathleen M. Gilmour¹, Mark Ekker¹

¹. University of Ottawa, Ottawa, ON, Canada

*Corresponding author. Email: mharv082@uottawa.ca

Abstract | Résumé

Zebrafish (*Danio rerio*) larvae are a powerful model for visualizing early vertebrate gene expression due to their external development and the conservation of different gene sequences with human counterparts, allowing them to be useful tools for cross-species comparison. The *dlx5a* gene encodes a homeodomain transcription factor expressed in craniofacial and neural crest-derived regions, whereas *chm* encodes Rab escort protein 1 (REP-1), which is broadly required for intracellular trafficking and retinal development. We aimed to characterize the baseline developmental expression of *dlx5a* and *chm* in wild-type zebrafish embryos at 2 and 3 days post-fertilization (dpf). Whole-mount in situ hybridization was performed on paraformaldehyde-fixed, methanol-stored embryos using digoxigenin-labelled antisense probes for *dlx5a* or *chm*, respectively. At 2 dpf, *dlx5a* staining was detected in distinct domains of the anterior head and along the body axis, consistent with craniofacial and neural crest-related patterning regions. By 3 dpf, the *dlx5a* signal appeared stronger and more extensive in these domains, reflecting continued development of *dlx5a*-positive structures. In contrast, *chm* staining showed a developmental shift in localization. At 2 dpf, expression was predominantly restricted to the head region. By 3 dpf, the *chm* signal became more apparent in the trunk, indicating an expansion of transcript distribution along the body axis, consistent with its ubiquitous and essential expression pattern in zebrafish, mice and humans. Together, these qualitative expression maps establish a developmental baseline for future studies examining how mutations in *chm* or *dlx5a*, or environmental perturbations alter gene localization in relevant zebrafish models.

Les larves de poisson-zèbre (*Danio rerio*) constituent un modèle puissant pour visualiser l'expression génique précoce chez les vertébrés en raison de leur développement externe et de la conservation de différentes séquences géniques avec leurs homologues humains, ce qui leur permet d'être des outils utiles pour les comparaisons entre espèces. Le gène *dlx5a* code un facteur de transcription à homéodomaine exprimé dans les régions craniofaciales et dérivées de la crête neurale, tandis que *chm* code la protéine d'escorte Rab 1 (REP-1), qui est largement requise pour le trafic intracellulaire et le développement rétinien. Nous avons cherché à caractériser l'expression développementale de base de *dlx5a* et de *chm* dans des embryons de poisson-zèbre de type sauvage à 2 et 3 jours post-fécondation (jpf). Une hybridation in situ sur embryon entier a été réalisée sur des embryons fixés au paraformaldéhyde et conservés dans le méthanol à l'aide de sondes antisens marquées à la digoxigénine pour *dlx5a* ou *chm*, respectivement. À 2 jpf, le marquage de *dlx5a* a été détecté dans des domaines distincts de la tête antérieure et le long de l'axe du corps, ce qui est cohérent avec les régions de patterning craniofaciales et liées à la crête neurale. À 3 jpf, le signal de *dlx5a* semblait plus fort et plus étendu dans ces domaines, reflétant le développement continu des structures positives pour *dlx5a*. En revanche, le marquage de *chm* montrait un changement développemental de localisation. À 2 jpf, l'expression était principalement restreinte à la région de la tête. À 3 jpf, le signal de *chm* devenait plus apparent dans le tronc, indiquant une expansion de la distribution du transcrit le long de l'axe du corps, ce qui est cohérent avec son patron d'expression ubiquitaire et essentiel chez le poisson-zèbre, la souris et l'humain. Ensemble, ces cartes qualitatives d'expression établissent une base développementale pour de futures études examinant comment des mutations dans *chm* ou dans *dlx5a*, ou des perturbations environnementales, modifient la localisation génique dans des modèles pertinents de poisson-zèbre.