**PRIMEIRO GENOMA MITOCONDRIAL DE *Characidium gomesi* (ACTINOPTERYGII: CHARACIFORMES: CRENUCHIDAE) E IMPLICAÇÕES NA FILOGENIA DE CHARACOIDEI**

**The first mitochondrial genome of *Characidium gomesi* (Actinopterygii: Characiformes: Crenuchidae): insights in Characoidei phylogeny**

Iuri Batista da Silva1,2\*, Karine Frehner Kavalco2, Fabiano Menegidio3, Rubens Pasa2

1 Programa de Pós-Graduação em Zoologia. Universidade Federal de Minas Gerais.

2 Laboratório de Genética Ecológica e Evolutiva. Universidade Federal de Viçosa

3 Laboratório de Bioinformática e Biologia Computacional. Núcleo Integrado de Biotecnologia, Universidade de Mogi das Cruzes

\* iuribs@ufmg.br

 Characiformes se destaca com uma das mais diversas ordens de peixes de água doce, compreendendo 24 famílias, com 20 delas sendo originárias da região Neotropical. Crenuchidae é uma família endêmica dessa região, que conta com 112 espécies válidas, distribuídas em 11 gêneros e duas subfamílias: Crenuchinae e Characidiinae. *Characidium* Reinhardt, 1867 pertence à Characidiinae e possui 82 espécies descritas. Entretanto, apesar da significativa diversidade, o grupo é pouco estudado e nenhuma espécie do gênero possui o genoma mitocondrial (mitogenoma) descrito. Em Crenuchidae como um todo, apenas o mitogenoma de *Crenuchus spirulus* encontra-se descrito. Genomas mitocondriais são excelentes ferramentas em estudos evolutivos, sendo um conhecido marcador de diversidade molecular e está envolvido em uma série de doenças e processos celulares. Diante deste cenário, nós buscamos: a) descrever o genoma mitocondrial de *Characidium gomesi* e b) reconstruir a filogenia de Characoidei com genes mitocondriais. Para isso, nós usamos *reads* brutos disponíveis do Sequence Read Archive (SRA) do NCBI, nº de acesso SRR11679749, para montagem do mitogenoma no software NOVOPlasty v4.2, usando configurações padrão. A sequência montada foi anotada no MitoAnnotator dentro da plataforma MitoFish. Para a reconstrução filogenética de Characoidei, nós usamos, além de *C. gomesi*, 41 espécies de Characiformes com mitogenoma disponíveis no GenBank. As sequências foram baixadas e os 13 genes codificadores de proteína foram extraídos manualmente e alinhados individualmente no MAFFT v7.480. Os genes alinhados foram concatenados e submetidos ao IQ-TREE v2.1.3 para o particionamento dos dados, teste de modelos evolutivos e reconstrução filogenética por máxima verossimilhança. Foram executadas 10.000 replicações de ultrafast bootstrap2 para avaliar a confiança dos ramos. A árvore filogenética gerada foi visualizada no FigTree v1.4.4 e enraizada no clado Citharinoidei. O genoma mitocondrial de *C. gomesi* montado possui 16.692 pb e está organizado em 13 genes codificadores de proteínas, 22 RNAs transportadores, 2 RNAs ribossomais (12S e 16S) e uma região controle (D-loop). O comprimento e arranjo genômico encontram-se em consonância ao descrito para a maioria dos peixes. As relações filogenéticas reconstruídas apontaram *C. gomesi* como grupo irmão de *C. spirulus*, com altos valores de suporte (100). Este clado foi recuperado como grupo irmão do grupo constituído pelas famílias Chalceidae, Characidae, Bryconidae, Acestrorhynchidae e Gasteropelecidae, com baixo valor de suporte (38). Espécies de Characidiinae já foram incluídas dentro de Characidae, mas atualmente encontram-se dentro de Crenuchidae. Estudos mais recentes, usando genômica em larga escala, apontam Crenuchidae como grupo irmão de todas as outras famílias de Characoidei, estando relativamente distante de Characidae. A divergência encontrada e os baixos valores de confiança podem estar relacionados à baixa amostragem de espécies, visto que menos de 10% das 2260 espécies de Characiformes possuem mitogenoma descrito. Sendo assim, esforços em expandir o número de mitogenomas descritos são necessários para ampliar estudos filogenéticos, bem como para a construção do conhecimento de base para desenvolvimento de estudos em processos biológicos e mecanismos genéticos existentes em genomas mitocondriais.

**Palavras-chave:** Characidiinae; Mitogenoma; mtDNA; Neotropical; Peixes.