

# Primeiro genoma mitocondrial de *Characidium gomesi* (Actinopterygii: Characiformes: Crenuchidae) e implicações na filogenia de Characoidei

Silva, I.B. Pós-Graduação em Zoologia, UFMG; Kavalco, K.F. Laboratório de Genética Ecológica e Evolutiva, UFV; Menegidio, F.B. Laboratório de Bioinformática e Biologia Computacional, UMC; Pasa, R. Laboratório de Genética Ecológica e Evolutiva, UFV

## Introdução

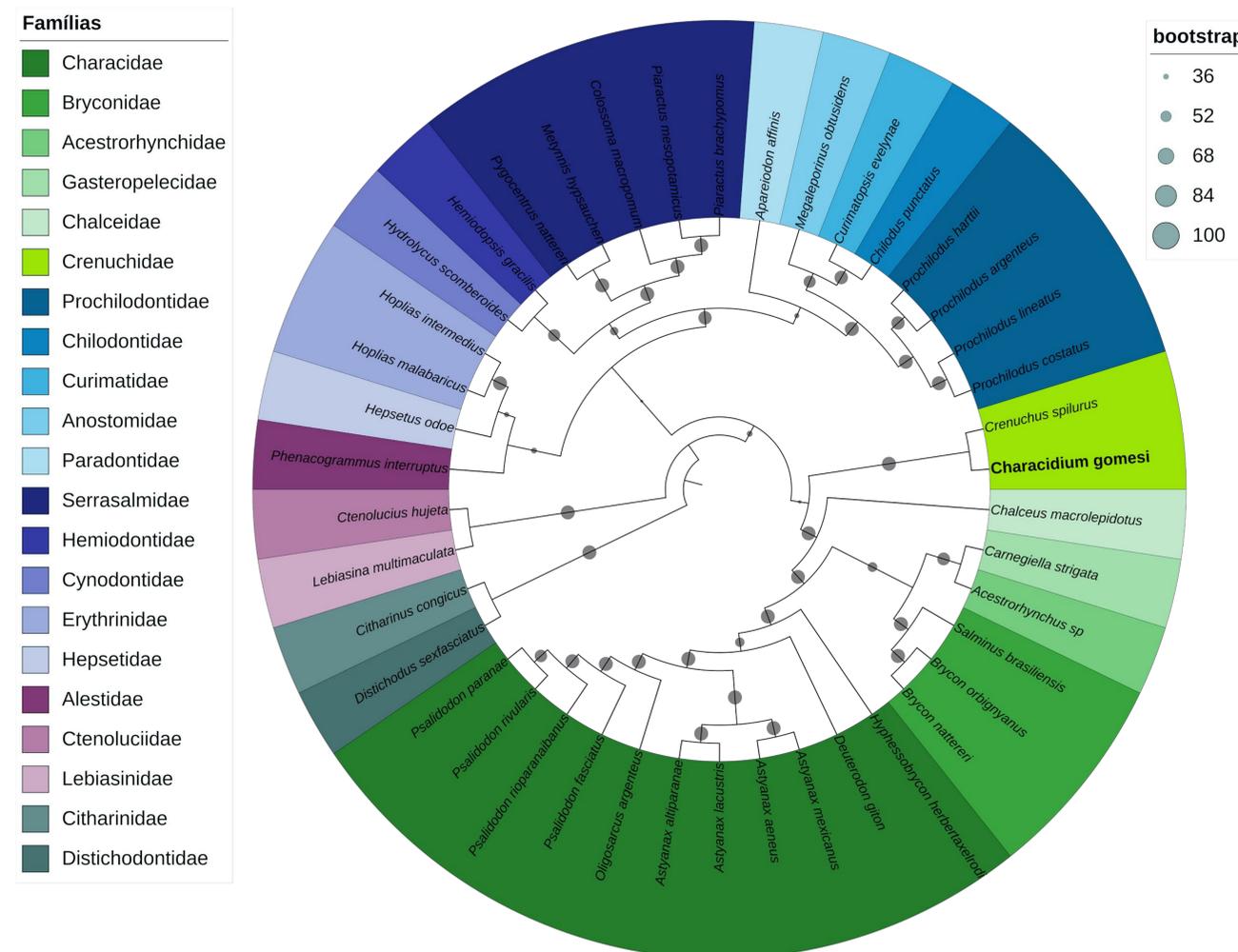
Crenuchidae (Characiformes) possui 112 espécies, mas apenas uma delas possui o genoma mitocondrial descrito, que é uma importante fonte de informação para estudos evolutivos. Diante disso, neste trabalho, nós buscamos descrever o mitogenoma de *Characidium gomesi* (Crenuchidae: Characidiinae) e reconstruir a filogenia de Characoidei com genes mitocondriais.

## Material e Métodos

Nós usamos *reads* brutos disponíveis no Sequence Read Archive para montagem do mitogenoma através do NOVOPlasty. O mitogenoma montado foi anotado no MitoAnnotator. Para a reconstrução filogenética nós usamos, além de *C. gomesi*, 41 espécies com genomas mitocondriais disponíveis no GenBank. Os 13 genes codificadores de proteína foram alinhados um a um no MAFFT. Os alinhamentos foram concatenados e submetidos ao IQ-TREE para o particionamento dos dados, teste de modelos evolutivos e reconstrução filogenética por máxima verossimilhança, usando 10.000 replicações de *ultrafast bootstrap 2* para avaliar a confiança dos ramos.

## Resultados

O genoma mitocondrial de *C. gomesi* possui 16.692pb e encontra-se organizado em 37 genes, sendo 13 genes codificadores de proteínas, 22 RNAs transportadores e 2 RNAs ribossomais, além da região controle (D-loop). As relações filogenéticas reconstruídas apontaram *C. gomesi* como grupo irmão de *C. spirulus* com alto valor de suporte (100), constituindo a família Crenuchidae. Este clado, por sua vez, foi recuperado como grupo irmão do grupo constituído pelas famílias Chalceidae, Characidae, Bryconidae, Acestrorhynchidae e Gasteropelecidae, mas com baixo valor de suporte (Fig.1).



**Figura 1:** Árvore filogenética dos Characiformes inferida por genes mitocondriais codificadores de proteína.

## Conclusões

O comprimento e arranjo genômico encontram-se em consonância ao descrito para a maioria dos peixes (Satoh *et al.* 2016). A posição de Crenuchidae em Characoidei se mostrou incerta. Estudos mais recentes apontam-na como grupo irmão de todas as outras famílias de Characoidei (Betancur *et al.* 2019). Esforços para expandir o número de mitogenomas descritos são necessários para ampliar estudos filogenéticos.

## Referências

- Satoh, T. P., Miya, M., Mabuchi, K., & Nishida, M. Structure and variation of the mitochondrial genome of fishes. *BMC genomics*, 17:1-20, 2016.
- Betancur-R, R., Arcila, D., Vari, R. P., Hughes, L. C., Oliveira, C., Sabaj, M. H., & Orti, G. Phylogenomic incongruence, hypothesis testing, and taxonomic sampling: The monophyly of characiform fishes. *Evolution*, 73:329-345, 2019.

## Agradecimentos



## Contato

iuribs@ufmg.br