

# Nº – 128 - PRIMEIRO DRAFT DO MITOGENOMA DE *Tubixaba tuxaua*. First draft of the mitogenome of *Tubixaba tuxaua*.



SILVA, S.A.<sup>1,2</sup>; SOUZA, R.F.<sup>1</sup>; MACHADO, A.C.Z.<sup>2</sup>; da ROSA, R.<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>UEL, Londrina, PR. <sup>2</sup>Agronema, Londrina, PR.

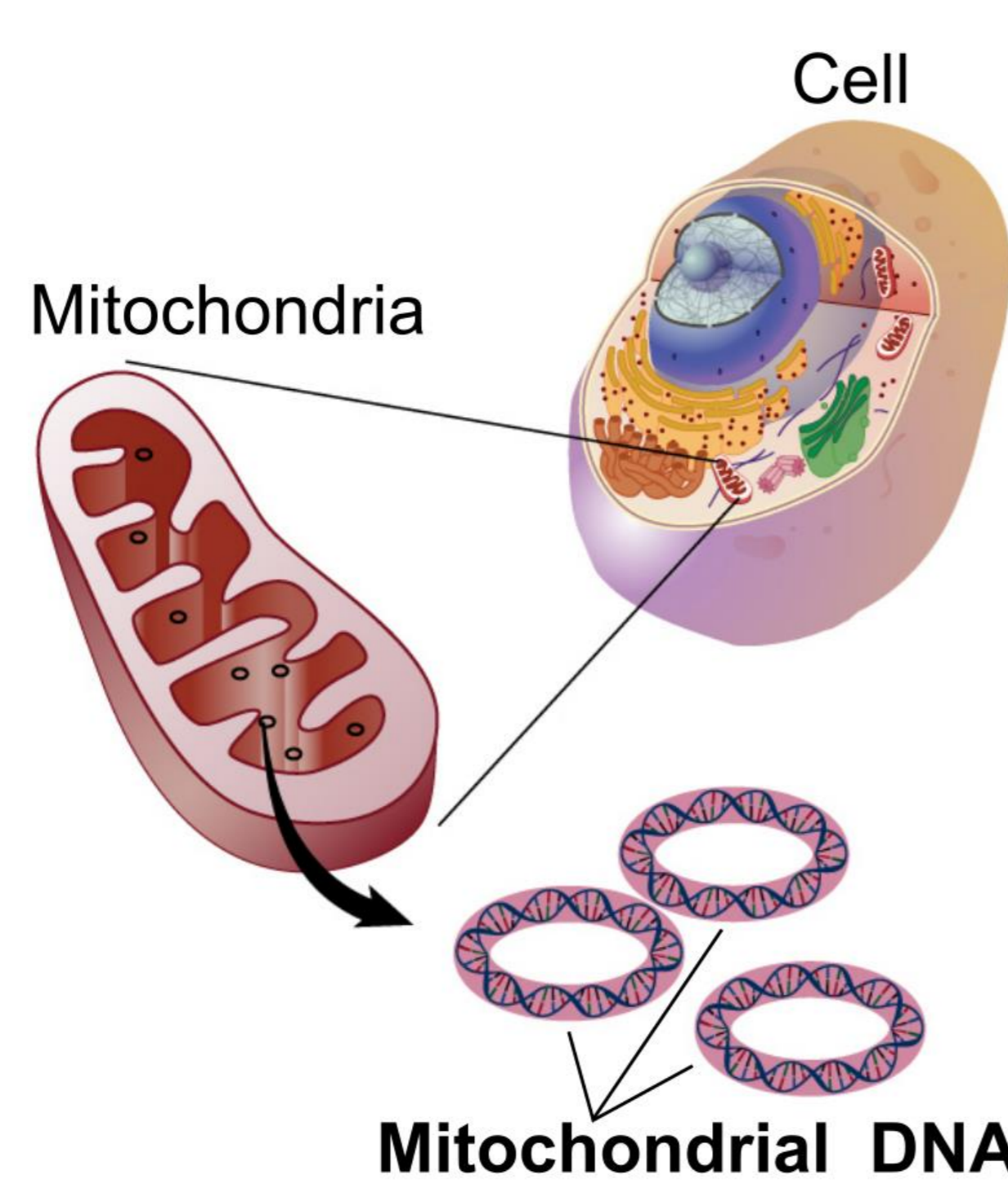
## INTRODUÇÃO

O sequenciamento de nova geração (NGS) tem permitido o rápido avanço no estudo de amplicons e genomas de espécies de interesse agrário. O genoma mitocondrial (mitogenoma) pode servir de base para estudos filogenéticos e de evolução de espécies, sendo importante para o estudo da genética molecular de nematoides que mais mitogenomas sejam sequenciados e disponibilizados. O conhecimento acerca dos nematoides da Ordem Dorylaimida se configura como relevante para o avanço no conhecimento sobre a filogenia e evolução dentro do Filo Nematoda, além de proporcionar maior conhecimento sobre a espécie tipo a ser estudada. O objetivo no presente trabalho foi sequenciar, organizar e anotar o mitogenoma de *Tubixaba tuxaua* a partir de sequenciamento NGS.



## METODOLOGIA

Um total de 100 espécimes de *T. tuxaua* formaram um pool que foi utilizado para a extração de DNA e sequenciamento NextSeq 2x100pb, com uma média de cobertura de 10 milhões de clusters. As reads originais foram verificadas quanto à qualidade pelo software FastQC v.0.11.9 e trimadas com Trimmomatic v.0.39. A montagem de novo foi realizada com o software NOVOPlasty v.4.3, e o genoma mitocondrial de *Pratylenchus vulnus* disponível no GenBank (GQ332425.1) foi usado como modelo. O mapeamento e extensão foram realizados com o software Geneious R11. O genoma mitocondrial montado foi anotado usando o código genético de invertebrados no servidor web MITOS2 e um mapa linear do mitogenoma de *T. tuxaua* foi gerado. Com base no mitogenoma de outras espécies de nematoides obtidas no GenBank, foi realizada a filogenia de *T. tuxaua*, utilizando o software Mega 6.0, com método de Máxima Verossimilhança e bootstrap de 1.000 réplicas para obtenção da árvore sem outgroup.



## RESULTADOS E CONCLUSÕES

O draft do mitogenoma de *T. tuxaua* apresentou 12.746 pb e foram anotados 21 tRNA, 5rRNA (dois grupos duplicados, 2 e 3 cópias) e 12 genes codificadores de proteínas.

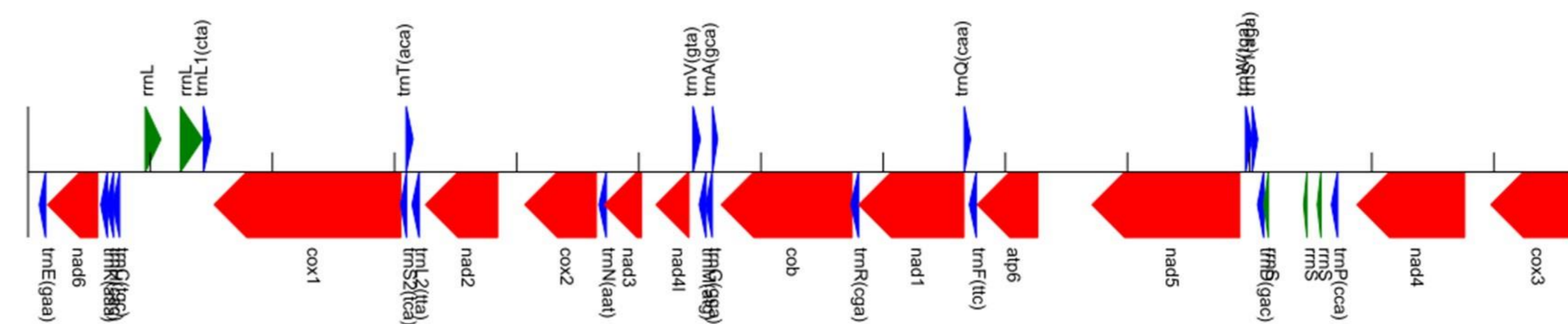


Figura 1. Draft do mitogenoma linear de *Tubixaba tuxaua*. Anotação na base RefSeq 63 Metazoa, MITOS web server.

Este é o primeiro draft de mitogenoma de *T. tuxaua* a ser montado e o tamanho do mitogenoma parcial obtido está próximo do tamanho da maioria das espécies já sequenciadas. A filogenia baseada no mitogenoma de *T. tuxaua* confirma seu status dentro da classificação taxonômica tradicional junto a outras espécies da Ordem Dorylaimida.

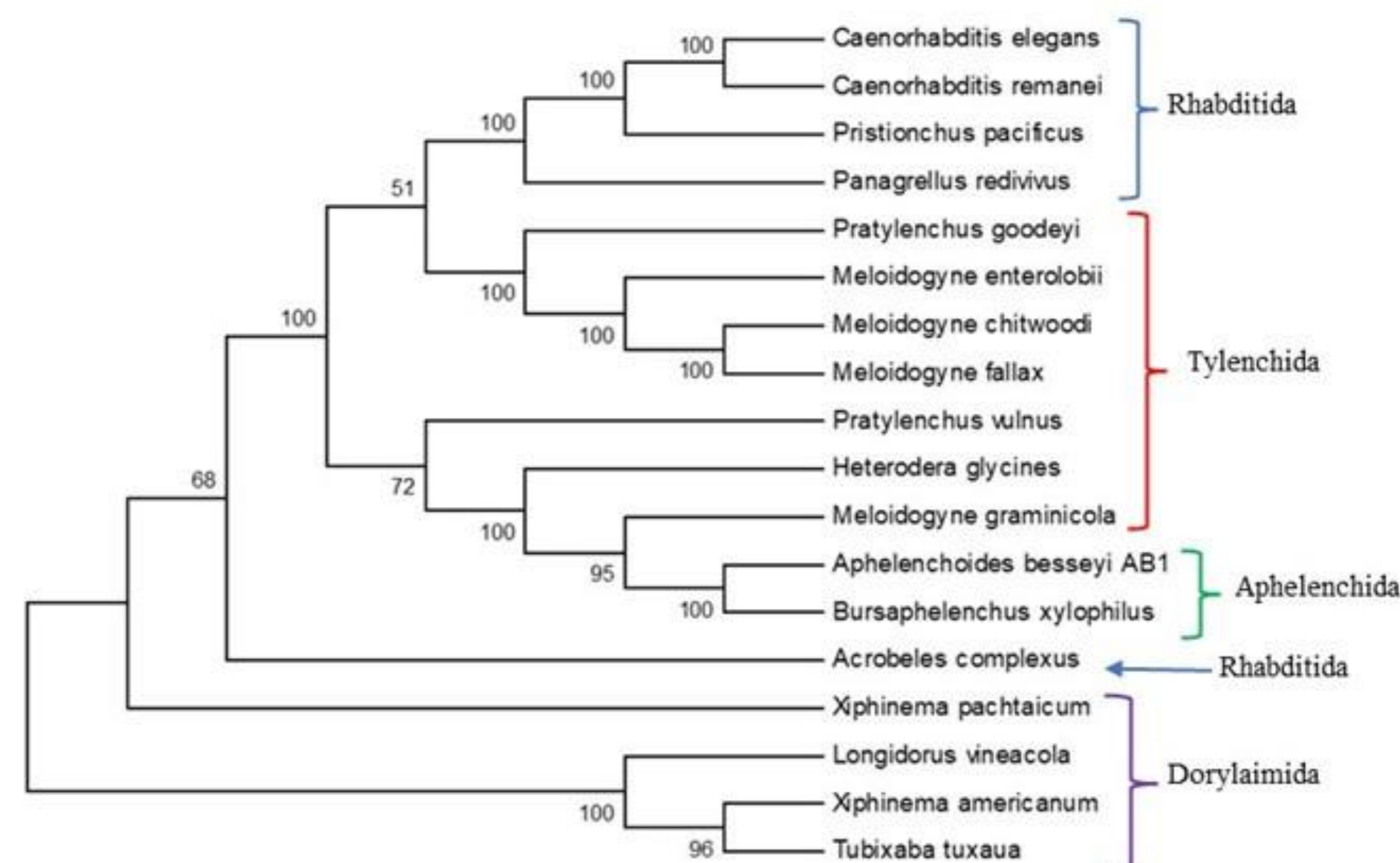


Figura 2. Árvore filogenética obtida por Máxima verossimilhança baseada em mitogenomas de nematoides. Bootstrap de 1.000 réplicas.

Os resultados trazem importantes informações para serem disponibilizadas e utilizadas em estudos taxonômicos, evolutivos e aplicados ao agronegócio.



## AGRADECIMENTOS

