



PRIMEIRO DRAFT DO MITOGENOMA DE *Tubixaba tuxaua*. First draft of the Mitogenome of *Tubixaba tuxaua*. Silva, S.A.^{1, 2}; Souza, R.F.¹; Machado, A.C.Z.²; da Rosa, R.¹. ¹UEL, Londrina, PR. ²Agronema, Londrina, PR. Email: santinoaleandro@gmail.com

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 objetivo do presente trabalho foi sequenciar, organizar e anotar o mitogenoma de *Tubixaba tuxaua* a partir de sequenciamento NGS. 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. O *draft* do mitogenoma de *T. tuxaua* apresentou 12.746 pb, foram anotados 21 tRNA, 5rRNA (dois grupos duplicados, 2 e 3 cópias) e 12 genes codificadores de proteínas. 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. Os resultados trazem importantes informações para serem disponibilizadas e utilizadas em estudos taxonomicos, evolutivos e aplicados ao agronegócio.