

## MONTAGEM E ANOTAÇÃO DO GENOMA MITOCONDRIAL DE *Cichla piquiti* (Cichlidae - Cichlini)

Sara R. D. Dionizio<sup>1,2\*</sup>; Larissa R. Carvalho<sup>1,2</sup>; Leonardo C. J. Corvalán<sup>1,2</sup>; Leo C. Fernandes da Silva<sup>3</sup>; Cintia P. Targueta<sup>1,2</sup>; Ramilla dos S. Braga-Ferreira<sup>1,2</sup>; Rhewter Nunes<sup>1,2,4</sup>; Mariana Pires de Campos Telles<sup>1,2,5</sup>

<sup>1</sup> Laboratório de Genética & Biodiversidade - Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Goiás, Brasil. <sup>2</sup> Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia – Ecologia, Evolução e Conservação da Biodiversidade (INCT - EECBio). <sup>3</sup> Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis (Ibama). <sup>4</sup> Instituto Federal de Goiás - Campus de Goiás, Goiás, Goiás, Brasil. <sup>5</sup> Escola de Ciências Médicas e da Vida - PUC Goiás.

\*sararddionizio@gmail.com.

*Cichla piquiti* (Kullander & Ferreira, 2006), conhecido popularmente como Tucunaré Azul, é uma espécie de grande importância para o comércio pesqueiro. As espécies do gênero *Cichla* são encontradas nas bacias dos rios Amazonas, Tocantins- Araguaia e Orinoco, sendo um dos grupos mais numerosos de ciclídeos no Brasil. Apesar da sua importância ecológica e econômica ainda existem poucos estudos do ponto de vista genômicos para as espécies do gênero *Cichla*. Para a espécie *Cichla piquiti* são encontradas apenas sequências parciais do genoma mitocondrial em bancos genéticos. Considerando a importância ecológica e econômica do Tucunaré Azul, ressalta-se a necessidade de ampliar os recursos genômicos da espécie, a fim de contribuir para o desenvolvimento de ferramentas moleculares para contribuir com a conservação e fiscalização desse recurso genético. Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi realizar a montagem e a anotação do genoma mitocondrial de *C. piquiti*. Para tanto, foi utilizado um indivíduo de *C. piquiti* coletado no Reservatório de Serra da Mesa, em Goiás - Brasil. O DNA foi extraído a partir de amostra de tecido muscular. A biblioteca genômica foi construída utilizando o kit Agilent Sure Select<sup>QXT</sup>, e o sequenciamento foi realizado com o kit MiSeq v3 600 ciclos da Illumina, na plataforma MiSeq (Illumina). O genoma foi montado utilizando o programa NOVOPlasty v3.2, a anotação foi realizada na plataforma CHLOROBOX no programa GeSeq. A região do gene *cox1* mitocondrial de *C. ocellaris* foi utilizado como *seed* (referência da montagem do genoma) de *C. piquiti*. Para a anotação genômica, foi utilizado a sequência do genoma mitocondrial completo da espécie *C. ocellaris*, que contém 16526 bp (ID de referência do NCBI: NC\_030272.1). O genoma mitocondrial de *C. piquiti* apresentou tamanho total de 15.536 pb com a presença de 13 genes codificadores de proteínas. Foram identificados dois genes codificadores de RNAs ribossomais, e 22 genes codificadores de RNAs transportadores. Como esperado, a estrutura do genoma mitocondrial e o conteúdo gênico de *C. piquiti* apresentaram semelhanças com a espécie *C. ocellaris*. Os resultados deste trabalho são importantes por descrever pela primeira vez o genoma mitocondrial completo de *C. piquiti*, aumentando o conhecimento desse recurso genético. Com isso, futuros estudos filogenéticos e filogeográficos para o gênero *Cichla* e família Cichlidae poderão ser incrementados com essas informações, podendo auxiliar no melhor entendimento da história evolutiva do grupo, assim como o desenvolvimento de marcadores de DNA barcode para serem utilizados na fiscalização e no estabelecimento de estratégias de conservação.

**Palavras-chave:** mtDNA, Genômica; Peixe.

**Agradecimentos:** CAPES; INCT – EECBio FAPEG/CNPq (Processo nº 402178/2016-5).