

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

Sara R. D. Dionizio^{1,2*}; Larissa R. Carvalho^{1,2}; Leonardo C. J. Corvalán^{1,2}; Leo C. Fernandes da Silva³; Cintia P. Targueta^{1,2}; Ramilla dos S. Braga-Ferreira^{1,2}; Rhewter Nunes^{1,2,4}; Mariana Pires de Campos Telles^{1,2,5}

¹ Laboratório de Genética & Biodiversidade - Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Goiás, Brasil. ² Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia – Ecologia, Evolução e Conservação da Biodiversidade (INCT - EECBio). ³ Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis (Ibama). ⁴ Instituto Federal de Goiás - Campus de Goiás, Goiás, Goiás, Brasil. ⁵ 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^{QXT}, 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).