



Primeiro genoma mitocondrial descrito para Stephanoberycidae (*Acanthochaenus luetkenii*)

Rafael Augusto Silva Soares^{1,3}; Karine Frehner Kavalco^{1,3}; Iuri Batista da Silva^{1,2}; Igor Henrique Rodrigues-Oliveira^{1,2}; Rubens Pasa^{1,3}; Fabiano Bezerra Menegidio⁴

Rafael.a.soares@ufv.br; kavalco@ufv.br; iuribs@ufmg.br; igorbiooliveira@gmail.com; rpazza@ufv.br; fabianomenegidio@umc.br

¹Laboratório de Genética Ecológica e Evolutiva, Universidade Federal de Viçosa, Instituto de Ciências Biológicas e da Saúde, Rio Paranaíba, Minas Gerais, Brasil. ²Programa de pós-graduação em Zoologia, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Brasil. ³Laboratório de Bioinformática e Genômica, Universidade Federal de Viçosa, Rio Paranaíba, Brasil. ⁴Núcleo Integrado de Biotecnologia, Universidade de Mogi das Cruzes, Mogi das Cruzes, Brasil.

Categoria: Pesquisa, Área temática: Bioinformática, Grande área: Ciências Biológicas
mtDNA, mitogenoma, peixe

Introdução

Stephanoberycidae é uma família de peixes pertencentes à ordem Beryciformes, conhecida por serem peixes de águas profundas, predominantemente batipelágicos e demersais. Atualmente conta com 4 gêneros e 4 espécies válidas, mas não dispõe de nenhum genoma mitocondrial descrito.

Objetivos

No presente trabalho, apresentamos o primeiro genoma mitocondrial completo de *Acanthochaenus luetkenii* (ERR1473899), popularmente conhecido como peixe-espinho, ou pricklefish.

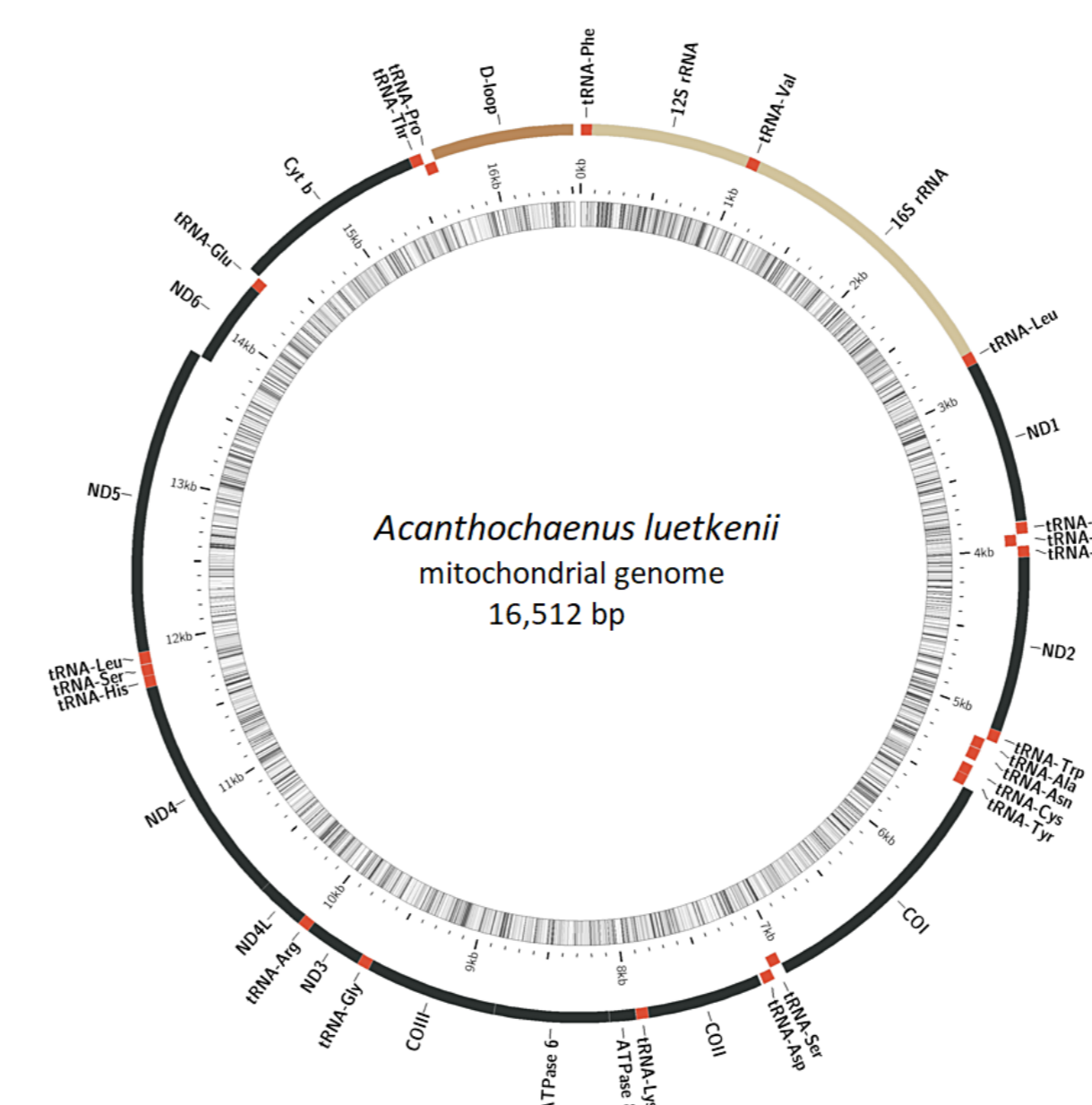
Material e Métodos

Obtivemos os dados brutos no Sequence Read Archive (SRA) do NCBI, e montamos o mitogenoma na plataforma Galaxy Europa utilizando a ferramenta NOVOPlasty v4.2. Utilizamos como semente o gene mitocondrial citocromo oxidase C subunidade I, da espécie, disponível no GenBank (EU148068.1). Após a montagem, a sequência circularizada foi anotada através da ferramenta MitoAnnotator do servidor do MitoFish. A composição de base de nucleotídeos do genoma foi calculada por meio do software Mega X e o conteúdo GC de todos os genes codificadores de proteína (GCPs) foi obtida através da ferramenta web Geecee.

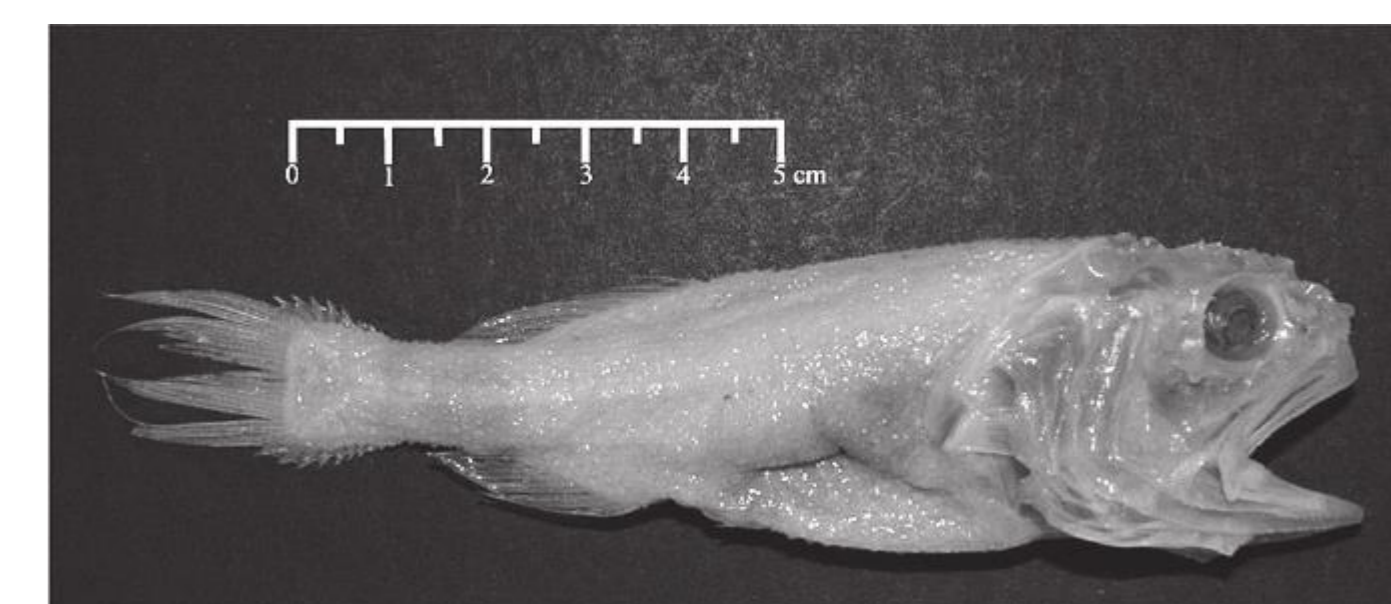
Resultados e Discussão

O genoma mitocondrial de *A. luetkenii* apresentou estruturação padrão dos vertebrados, com 13 GCPs, 22 genes de tRNA, 2 genes de rRNA e a região de controle (D-loop).

O tamanho do mitogenoma foi de 16,512 Pb. A composição de bases do foi de 28,3% A, 28,6% T, 16% G e 27% C. Cada gene apresentou conteúdo GC de: ATPase 6 40%, ATPase 8 40%, COI 43%, COII 41%, COIII 44%, Cyt b 41%, ND1 44%, ND2 45%, ND3 43%, ND4 42%, ND4L 49%, ND5 42% e o gene ND6 45%.



Genoma mitocondrial de *A. luetkenii*



<https://bitly.com/hAXIG6>

Conclusões

A. luetkenii é o primeiro genoma mitocondrial descrito para Stephanoberycidae, o que irá contribuir fortemente para a elucidação da filogenia e dos padrões moleculares desse grupo e de outros grupos relacionados, em vista da escassez de estudos sobre estes organismos.

Bibliografia

MINCARONE, M. M.; DI DARIO, F.; COSTA, P. A. S. Deep-sea bigscales, pricklefishes, gibberfishes and whalefishes (Teleostei: Stephanoberycidae) off Brazil: new records, range extensions for the south-western Atlantic Ocean and remarks on the taxonomy of Poromitra. *Journal of Fish Biology*, v. 85, n. 5, p. 1546-1570, 2014.