

SEQUENCIAMENTO, MONTAGEM DE NOVO E ANOTAÇÃO DO MITOGENOMA DE *PSEUDOPLATYSTOMA RETICULATUM* (EIGENMMAN & EIGENMMAN)

Luciana Cristine Vasques Villela¹; Anderson Alves¹; Eduardo Sousa Varela¹; Michel Eduardo Beleza Yamagishi²; Poliana Fernanda Giachetto²; Naiara Milagres Augusto da Silva³; Samuel Rezende Paiva⁴; Alexandre Rodrigues Caetano³

¹Embrapa Pesca e Aquicultura. ²Embrapa Informática Agropecuária. ³Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. ⁴Embrapa Labex EUA.

*E-mail do autor para correspondência: luciana.villela@embrapa.br

A cachara (*P. reticulatum*) é uma espécie de bagre Neotropical de água doce (Pimelodidae, Siluriformes) de relativa importância econômica para a aquicultura brasileira, mas cuja biologia básica ainda é pouco conhecida. Informações referentes ao mtDNA podem contribuir para melhorar o conhecimento biológico sobre uma espécie e são utilizadas em estudos filogenéticos, filogeográficos, de evolução, genética de populações e conservação. O objetivo deste trabalho é apresentar a sequência completa do mtDNA (mitogenoma) da cachara, obtida a partir do sequenciamento e montagem *de novo* de seu transcriptoma. Foram sequenciadas 8 bibliotecas de cDNA, construídas a partir de 8 *pools* de RNA total extraídos de 7 tecidos (músculo branco e vermelho, fígado, brânquias, rim, hipófise e gônadas) de 12 cacharas capturadas na bacia do rio Paraguai: i) 7 bibliotecas de cDNA (uma por tecido) foram sequenciadas na plataforma Illumina HiSeq 2000 e produziram 444.717.156 fragmentos *paired-end* com 100 pb de comprimento; ii) 1 biblioteca de cDNA (RNA total dos 7 tecidos) foi sequenciada na plataforma Illumina MiSeq e produziu 47.214.078 fragmentos *paired-end* de 300 pb. Os fragmentos passaram por controle de qualidade (*software* Trimmomatic) para remover bases com *score* < 25. Restaram 429.706.374 fragmentos de 100 pb (HiSeq) e 28.721.880 fragmentos de 300 pb (MiSeq). Fragmentos MiSeq foram combinados (*software* FLASH) originando 12 milhões de super fragmentos (comprimento médio: 392 pb). A montagem *de novo* do transcriptoma (*software* Trinity) gerou 312.766 *contigs*. 3 deles (9.069 pb, 3.798 pb, 1.692 pb) foram homólogos ao mtDNA de *P. coruscans* e foram montados (*software* SSAKE), gerando uma sequência consenso do mtDNA da cachara com 16.281 pb. Parte da região controle (Dloop) não transcrita (295 pb) foi obtida por sequenciamento Sanger. O mitogenoma completo da cachara apresentou 16.576 bp. Sua anotação com o *software* MitoAnnotator permitiu identificar 13 genes codificadores de proteína, 2 genes rRNA, 22 tRNAs e o DLoop. Sua estrutura básica, ordem, organização dos genes e seu conteúdo são semelhantes aos observados no mtDNA de outros vertebrados. Este é o 1º relato do mitogenoma completo da cachara e seus atributos funcionais encontram-se disponíveis para estudo, podendo contribuir para seu melhor conhecimento e desenvolvimento.

Key Words: Mitogenoma; *P. reticulatum*; RNA-Seq

Agradecimentos: CNPq, Embrapa