

**Resumo 1.22**

**Montagem parcial do genoma e anotação de genes ortólogos eucarióticos conservados de *Salminus brasiliensis*, o peixe dourado: uma espécie-bandeira da piracema**

Raíssa C. D. Graciano<sup>1</sup>; Isllas M. dos Santos<sup>2</sup>; Rafael S. Oliveira<sup>3</sup>; Gabriel M. Yazbeck<sup>1</sup>

1 – Laboratório de Recursos Genéticos, Programa de Pós-graduação em Biotecnologia, Universidade Federal de São João del-Rei, Avenida Visconde do Rio Preto, S/N - Vila João Lombard (Fábricas), São João del-Rei, 36301-360, MG, Brasil.

2 – Laboratório de Recursos Genéticos, Departamento de Zootecnia, Programa Institucional de Bolsas de Iniciação Científica, Universidade Federal de São João del-Rei, Avenida Visconde do Rio Preto, S/N - Vila João Lombard (Fábricas), São João del-Rei, 36301-360, MG, Brasil.

3 – Departamento de Ciências da Computação, Programa de Pós-graduação em Ciência da Computação, Universidade Federal de São João del-Rei, Avenida Visconde do Rio Preto, S/N - Vila João Lombard (Fábricas), São João del-Rei, 36301-360, MG, Brasil.

E-mail para correspondência: raissadgraciano@gmail.com

O Dourado (*Salminus brasiliensis*, Curvier, 1816) é um dos maiores peixes de escama Neotropicais, chegando até 26 kg. É predador de topo-de-cadeia, importante na estruturação da comunidade, de alto valor, apelo estético e comportamento agressivo na pesca esportiva. Como espécie-bandeira, sua conservação pode promover a preservação de todo o ecossistema. Ainda que fora da lista de espécies ameaçadas de extinção, por ser relativamente conservado no ecossistema pantaneiro, teve redução drástica dos seus cardumes. Evidências genéticas mostram a possível presença de uma espécie diferente, na bacia do alto rio Paraná, onde os estoques de dourado encontram-se depauperados. Devido à sua importância ecológica e econômica, o objetivo deste trabalho foi realizar a primeira montagem de novo do genoma de *S. brasiliensis* e anotar regiões gênicas, utilizando um conjunto inédito de dados de sequências curtas (90 pb), obtidos a partir do sequenciamento do genoma pela plataforma HiSeq 2000 (Illumina). O trabalho poderá fornecer informações relevantes à taxonomia molecular, descrição de genes da espécie e produção de marcadores moleculares aplicáveis na elaboração de planos de manejo, avaliação de eficiência das atividades de reintrodução e com potencial ao desenvolvimento de novas tecnologias aplicáveis na piscicultura. A amostra de DNA foi obtida de uma fêmea adulta (n° de tombo: 130547) previamente capturada na Estação de piscicultura de Itutinga (MG), bacia do alto rio Grande (21°17'040"S, 44°37'023"W) e resultou em 16 gigabases de dados filtrados. Foram realizadas montagens genômicas de novo com diferentes montadores (MINIA e SOAP), ambas pelo algoritmo grafo de Bruijn. Os tamanhos de k-meros (subsequências dos reads) foram k=41(MINIA), k=47 e k=55 (SOAP). As montagens possuem em média 914.686.925 pb (dp=44.246.540,4 pb), conteúdo de GC 41,05% e apresentaram os seguintes valores de N50 para a montagem k41=2.323, k47=10.889 e k55=10.567. A análise de completude e anotação dos genes ortólogos eucarióticos conservados foram realizadas com o programa BUSCO (banco de dados OrthoDB). Foram anotados 213 genes eucarióticos ortólogos conservados completos, com número médio de 114,6 genes (dp=68,92) recuperados por montagem, sendo 30 comuns entre todas as montagens. Isso permite analisar mais amplamente o conjunto de dados, enriquecendo a primeira anotação de genes conservados nesta espécie. A anotação funcional (descrição da função de seu produto gênico) foi realizada com o programa PANTHER. Foram caracterizados 151 genes quanto à função molecular, 182 quanto ao processo biológico, 209 quanto ao processo celular e 36 quanto a via

metabólica. Aqui apresentamos uma das primeiras montagens e anotação do genoma de uma espécie de peixe de piracema, de um conjunto de dados de baixa cobertura, e fornece resultados para guiar a montagem e anotação de genomas de outras espécies, ajudar a dirimir suas incertezas taxonômicas e auxiliar na conservação *in situ* e *ex situ* desta emblemática espécie da ictiofauna sulamericana.

**Palavras-chave:** Genética da conservação, Bioinformática, Genômica, Sequenciamento de Nova Geração, Conservação de recursos pesqueiros.  
(CAPES, Programa de Bolsas de Produtividade em Tecnologia e Extensão Inovadora, CNPq)

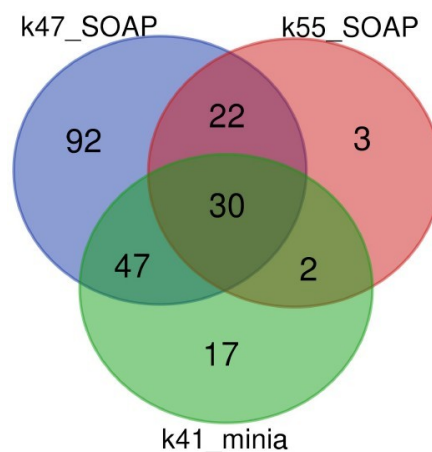


Figura 1: Diagrama de Venn com o número de genes completos únicos para cada montagem de *Salminus brasiliensis* e genes compartilhados entre elas.