



XXXII Encontro de Jovens Pesquisadores

e XIV Mostra Acadêmica
de Inovação e Tecnologia

UCS



GENOMA MITOCONDRIAL COMPLETO (GDNA) DOS CHONDRICHTHYES E RELAÇÕES FILOGENÉTICAS

Maria Eduarda Cunha Pretto (BIC-UCS), Diéssy Kipper e Vinicius Proença da Silveira, Wagner Ricardo Lunge (Orientador(a))

Os Chondrichthyes são uma classe taxonômica animal que inclui os tubarões, as raias e as quimeras. Estudos de sequenciamento de DNA de nova geração resultaram na disponibilização de dados completos do genoma mitocondrial para muitos táxons desta classe, incluindo vários gêneros e espécies de elasmobrânquios (tubarões e raias) ameaçados de extinção. O presente estudo teve como objetivo analisar as sequências de mtDNA de representantes deste grupo taxonômico, especialmente espécies em risco, para revisar a filogenia desta classe. Foi realizada uma busca em banco de dados de genomas (Genbank; www.ncbi.nlm.nih.gov) e foram obtidos 295 genomas de mtDNA completos da classe Chondrichthyes. As sequências foram alinhadas utilizando o algoritmo CLUSTAL W do programa Geneious v. 2021.2.2. As relações filogenéticas foram reconstruídas com o método de Máxima Verossimilhança (ML) implementado no servidor web W-IQ-TREE, com o modelo de substituição de nucleotídeos ideal selecionado usando ModelFinder e 1.000 réplicas da aproximação de *bootstrap* ultrarrápida. O FigTree v. 1.4.2 foi usado para apresentar a filogenia resultante. Após o alinhamento, os genomas anotados foram inspecionados visualmente para verificar as estruturas genômicas. A árvore filogenética construída no estudo demonstra a classificação da classe Chondrichthyes em quatro superordens: Galeomorphii, Squalomorphii, Batoidea e Holocephalimorpha. Os resultados também demonstraram uma disposição geralmente monofilética das principais espécies de tubarões e raias. A organização geral e as características dos genes nos genomas mitocondriais das 4 superordens mostraram ser semelhantes às encontradas nos vertebrados. Os principais genes encontrados codificam algumas proteínas mitocondriais e sintetizam RNAs ribossomais (rRNAs) e RNAs de transferência (tRNA). A principal parte variável parece ser a região de controle (D-loop), mas também existem algumas pequenas regiões não codificantes com diversificação entre as superordens. Em conclusão, o presente estudo amplia o conhecimento sobre a taxonomia, filogenia e diversidade genética das espécies de Chondrichthyes ameaçadas de extinção.

Palavras-chave: Genoma, Mitocôndria, Chondrichthyes

Apoio: UCS