



BIC-UCS

## Genoma mitocondrial completo (mt-DNA) dos Chondrichthyes e relações filogenéticas

Autores: Maria Eduarda Cunha Pretto, Diéssy Kipper, Vinicius Proença da Silveira, Vagner Ricardo Lunge

### INTRODUÇÃO / OBJETIVO

A classe taxonômica Chondrichthyes (tubarões, raias e quimeras) possui 14 ordens, 60 famílias, 198 gêneros e aproximadamente 1200 espécies (Kousteni et al., 2021). Esta classe é ainda dividida nas subclasses Holocephali (quimeras) e Elasmobranchii (tubarões, raias) (Weigmann, 2016).

As relações filogenéticas dos Chondrichthyes têm sido estudadas a partir de dados de sequências de DNA, principalmente de genes e genomas mitocondriais. No entanto, a organização da árvore filogenética permanece bastante controversa nos diferentes níveis taxonômicos desta classe (Díaz-Jaimes et al., 2015).

O presente estudo teve como objetivo estudar os genomas mitocondriais e revisar as relações filogenéticas entre espécies das diferentes subclasses de Chondrichthyes, com um foco especial em Elasmobranchii, a partir de um conjunto de dados (*dataset*) genéticos atualizado.

### MATERIAL E MÉTODOS

**Genomas:** obtenção de dados de genomas mitocondriais (mt-DNAs) completos de 295 animais da ordem Chondrichthyes no Genbank, incluindo;

- 12 mt-DNAs de Holocephali (três famílias, 12 espécies);
- 284 mt-DNAs de Elasmobranchii, com 153 tubarões (30 famílias, 102 espécies) e 131 sequências de raias (15 famílias, 125 espécies);
- 1 Mt-DNA da superclasse Agnatha (*Eptatretus burgeri*) como grupo externo.

**Montagem de genomas mitocondriais:** construção da estrutura de genomas mitocondriais (mt-DNA) de cada subclasse e análise visual comparativa.

**Análises filogenéticas:** alinhamento dos genomas (programa CLUSTAL W, Geneious v. 2021.2.2), análise de Máxima Verossimilhança (Servidor web W-IQ-TREE 25, usando modelo de substituição de nucleotídeos ModelFinder 26, com avaliação de *bootstrap* – 1000 réplicas), geração da árvore filogenética (programa FigTree v. 1.4.2).

### RESULTADOS

A organização geral e as características gerais dos genes nos genomas mitocondriais das 4 superordens mostraram-se semelhantes às encontradas em vertebrados. Os principais genes encontrados codificam algumas das proteínas mitocondriais e sintetizam RNAs ribossômicos (rRNAs) e de transferência (tRNAs). A principal parte variável parece ser a região de controle (D-loop), mas também existem pequenas regiões não codificantes com diversificação entre as superordens (Figura 1).

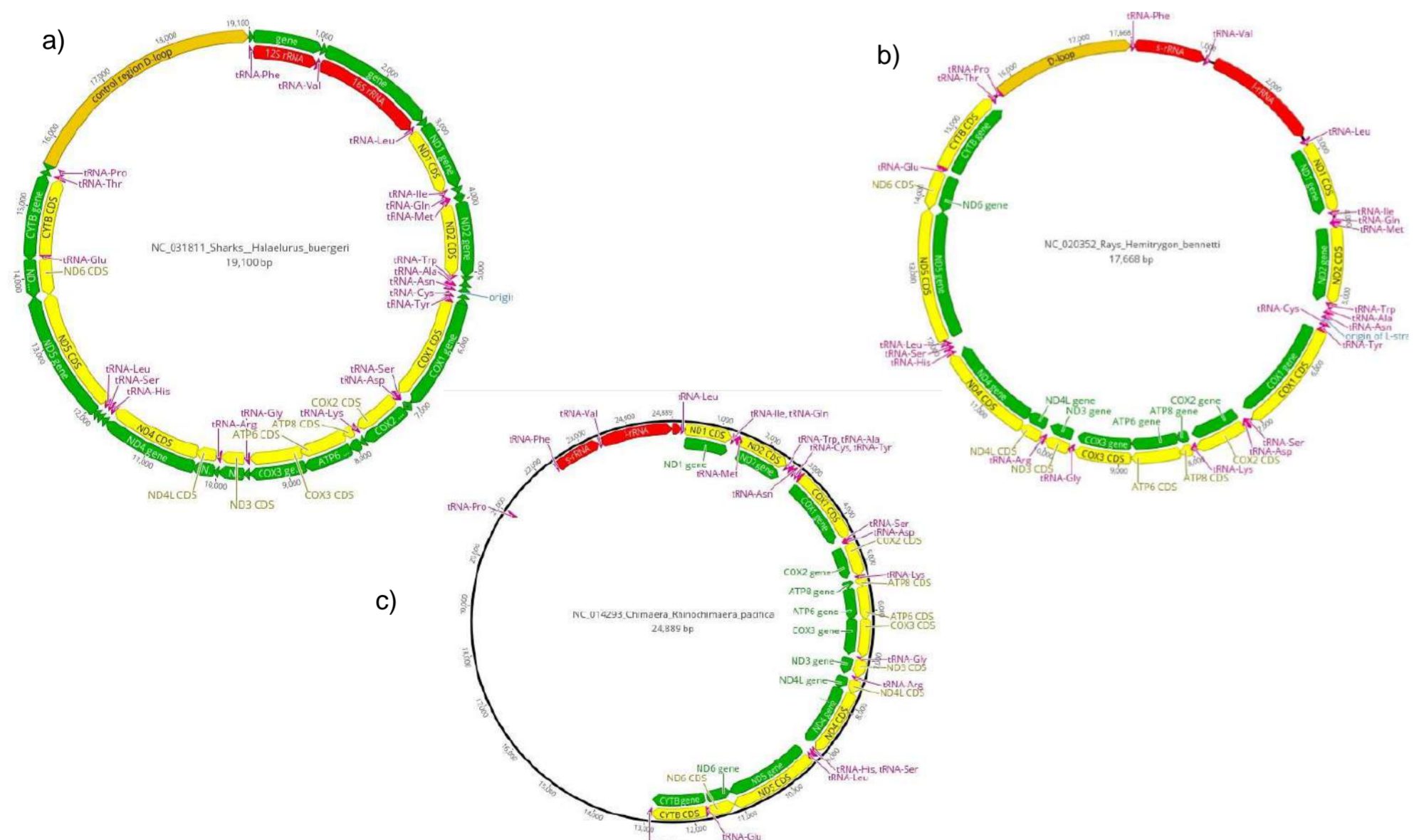


Figura 1. Genomas mitocondriais de espécies de Chondrichthyes: a) *Halaaelurus burgeri* (tubarão), b) *Hemitrygon bennetti* (raia), c) *Rhinochiamera pacifica* (quimera).

A árvore filogenética construída neste estudo demonstra a classificação da classe Chondrichthyes nas 4 superordens: Galeomorphii, Squalomorphii, Batoidea e Holocephalimorpha. Os resultados também demonstraram um arranjo geralmente monofilético das principais espécies de tubarões e raias. Destaque para os Carcharhiniformes, com arranjo filogenético significativamente variável e não corroborante entre algumas espécies de suas famílias, mas com predominância de monofilia (Figura 2).

### RESULTADOS

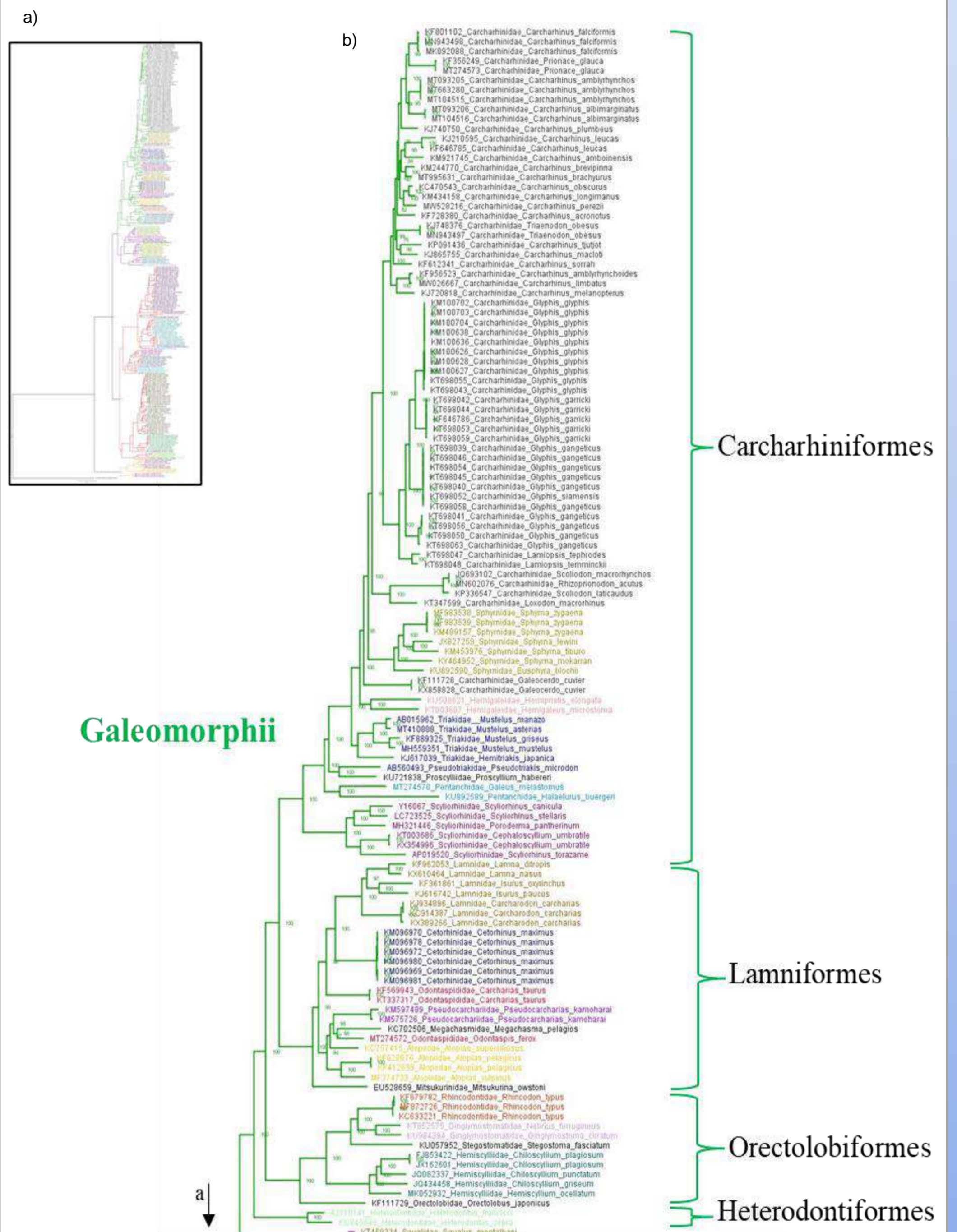


Figura 2. Árvores filogenéticas: a) completa (todas as superordens); b) somente Galeomorphii.

### CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os resultados do estudo contribuem para a revisão das relações filogenéticas da classe Chondrichthyes a partir das avaliações comparativas de um conjunto de dados (*dataset*) amplo de genomas mitocondriais. Novas análises de sequenciamento do genoma mitocondrial de exemplares de tubarões (Galeomorphii) da Costa do Sul do Brasil possibilitarão estabelecer um cenário ainda mais completo, com a inclusão de dados de espécies locais na árvore filogenética.

### REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Díaz-Jaimes P, Bayona-Vásquez NJ, Adams DH, Uribe-Alcocer M. Complete mitochondrial DNA genome of bonnethead shark, *Sphyrna tiburo*, and phylogenetic relationships among main superorders of modern elasmobranchs. *Meta Gene*. 2015, 7, 48-55. doi: 10.1016/j.mgene.2015.11.005.

Kousteni V, Mazzoleni S, Vasileiadou K, Rovatsos M. Complete Mitochondrial DNA Genome of Nine Species of Sharks and Rays and Their Phylogenetic Placement among Modern Elasmobranchs. *Genes* 2021, 12, 324. <https://doi.org/10.3390/genes12030324>.

Weigmann S. Annotated checklist of the living sharks, batoids and chimaeras (Chondrichthyes) of the world, with a focus on biogeographical diversity. *J Fish Biol*. 2016 88(3):837-1037. doi: 10.1111/jfb.12874.