



SEQUENCIAMENTO NANOPORE DE BAIXA COBERTURA PARA MONTAGEM DE MITOGENOMA E DESENVOLVIMENTO DE FERRAMENTAS MOLECULARES EM PIRAÍBA (*Brachyplatystoma filamentosum*).

José Augusto Siqueira de Castro¹, Héctor Antônio Assunção Romão¹, Wilian Wingert Córdova^{1,2}, Carmen E Barragán-Ruiz¹, Camila Mazzoni³, Diego De Panis³, Lisiane Hahn⁴, Cintia P. Targueta^{1,5}, Mariana Pires de Campos Telles^{1,6}

¹Universidade Federal de Goiás, Instituto de Ciências Biológicas, Goiânia, Goiás, Brasil

²Universidade Estadual de Goiás, Instituto Acadêmico de Ciências da Saúde e Biológicas, Iporá, Goiás, Brasil

³Leibniz Institute for Zoo and Wildlife Research, Berlin Center for Genomics in Biodiversity Research, Berlin, Alemanha

⁴Projeto Peixara, Goiás, Brasil

⁵Hospital Veterinário, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Goiás, Brasil.

⁶Pontifícia Universidade Católica de Goiás, Escola de Ciências Médicas e da Vida, Goiânia, Goiás, Brasil

Espécies amplamente distribuídas em bacias fluviais, migratórias e sob forte exploração são importantes alvos para monitoramento *in situ*. O gênero *Brachyplatystoma* (atualmente com sete espécies) inclui bagres de grande porte, com destaque para *B. filamentosum* (piraíba), de grande importância para a pesca esportiva e de subsistência, mas que ainda carece de dados biológicos e genômicos aplicáveis à identificação molecular. Nesse sentido, o trabalho objetiva contribuir com recursos moleculares para o monitoramento da Piraíba, analisando regiões do mitogenoma com potencial para marcadores de DNA *barcoding* a partir de dados de sequenciamento de baixa cobertura, comparando com sequências disponíveis em bancos de dados. Para o sequenciamento, o DNA genômico foi extraído do tecido de nadadeira adiposa utilizando o kit *DNeasy Blood & Tissue* (Qiagen). A biblioteca foi preparada com o *Ligation Sequencing DNA V14* da Oxford Nanopore, e posteriormente sequenciada no Leibniz Institute no BeGenDiv da Alemanha na plataforma PromethION P2 Solo. O N50 do sequenciamento foi de 7,7 kb, em um output de 11,8 Gb. A montagem do mitogenoma foi realizada no *Flye* e *MitoHiFi*, resultando em um mitogenoma de ~16 kb, com cobertura de 16x e 39x, respectivamente. O genoma apresentou 13 PCGs, 2 rRNAs, 22 tRNAs e a região controle (D-loop). As distâncias genéticas intra e interespecíficas foram avaliadas pelo modelo K2P, utilizando sequências dos genes *COI*, *cytB* e D-loop de outras sete espécies do gênero *Brachyplatystoma* (n = 5 por espécie), com dados disponíveis no NCBI. O gene *COI* apresentou o maior *barcoding gap* (0,111), seguido pela região D-loop (0,061) e pelo gene *cytB* (0,021). Esses resultados indicam que o sequenciamento de baixa cobertura foi suficiente para a montagem do



mitogenoma da piraíba, permitindo prospectar regiões para identificação molecular da espécie. Este estudo contribui para a disponibilização de ferramentas aplicáveis ao monitoramento e à conservação da piraíba.

Palavras-chave: conservação, mitogenoma, monitoramento, peixes, recursos genômicos.

Financiamento: Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia em Ecologia, Evolução e Conservação da Biodiversidade (INCT-EECBio - CNPq – Processo: 409197/2024-6); Programa “Araguaia Vivo 2030”, executado pela *Tropical Water Research Alliance (TWRA)* e financiado pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Goiás (FAPEG) (proc. n.º 202210267000536); PPBio Araguaia: Ecologia Molecular e Dimensões da Biodiversidade, financiado pelo CNPq (proc.: 441114/2023-7) e o Projeto Peixara, financiado pelo Ministério da Pesca e Aquicultura (MPA).