



## Caracterização Genômica da Onça-pintada (*Panthera onca*)

Fernanda Trindade<sup>1</sup>, Henrique Vieira Figueiró<sup>1</sup>, Eduardo Eizirik<sup>1</sup> (orientador)

<sup>1</sup>*Faculdade de Biociências, PUCRS*

### Resumo

Ferramentas genômicas têm sido utilizadas amplamente na caracterização de espécies modelo ao longo dos últimos anos. Com o advento de novas técnicas de sequenciamento, análises genômicas começaram a ser aplicadas em diversas espécies, permitindo responder questões básicas sobre sua biologia e evolução. Nosso grupo de pesquisa tem focado esforços na caracterização genômica da onça-pintada (*Panthera onca*). A onça é o maior carnívoro encontrado nas Américas e apesar de bastante ameaçado em alguns pontos de sua distribuição pode ser encontrado em uma grande diversidade de biomas. Para obter uma caracterização mais completa do genoma, uma estratégia que utilize diferentes métodos de sequenciamento tende a fornecer melhores resultados, e por isso o projeto compreende duas frentes: o sequenciamento do transcriptoma do genoma completo da espécie.

Através da tecnologia de RNA-Seq, cinco diferentes tecidos foram sequenciados para a montagem do transcriptoma. Foram realizadas duas corridas *pair-end* em *reads* de 50pb e 101pb. A curadoria dos dados foi realizada com os programas Galaxy e SeqyClean, retirando sequências com valor de qualidade (phred) inferior a 24 e menores que 70pb. Até o momento, foi sequenciada uma biblioteca genômica com tamanho de inserto de 180pb. Para a mineração desta, foram utilizados os mesmos parâmetros no programa Prinseq. A montagem e anotação do transcriptoma foi realizada através do pacote Trinity, e a montagem do genoma através do programa SOAPdenovo. Obtivemos, assim, mais de 200 milhões de *reads* pareadas com boa qualidade, atingindo uma cobertura estimada do genoma de 15x. Dentre 12 montagens realizadas, a melhor mostrou 35,6% do genoma montado em 8.362.635 *contigs*. Tais resultados indicam a necessidade de bibliotecas de insertos maiores e também do tipo *mate-pair*. O transcriptoma já se encontra em estágio mais avançado de análise. Seus dados já

possibilitaram a montagem do genoma mitocondrial de *P. onca* bem como análises comparativas com base na sua anotação. A partir da montagem de cada biblioteca, obtivemos em média 56.765 transcritos, dos quais 93% possuem homologia com sequencias conhecidas. Nestes transcritos, verificamos aproximadamente 9.000 domínios proteicos, englobando proteínas de função estrutural e catalítica.

Atualmente as montagens estão sendo aprimoradas e melhor anotadas. Posteriormente estas serão utilizadas para estabelecimento do exoma completo da espécie, o qual servirá de base para análises evolutivas populacionais.

**Palavras-chave:** transcriptoma; RNA-Seq; montagem; bioinformática.