



UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARÁ
CAMPUS UNIVERSITÁRIO DE BRAGANÇA
INSTITUTO DE ESTUDOS COSTEIROS
FACULDADE DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

GLÓRIA MARIA DA COSTA REIS

**ANÁLISE COMPARATIVA E FILOGENÉTICA DE MITOGENOMAS DE
GAROUPAS DO ATLÂNTICO (PERCIFORMES; EPINEPHELIDAE)**

BRAGANÇA-PA

2025

GLÓRIA MARIA DA COSTA REIS

**ANÁLISE COMPARATIVA E FILOGENÉTICA DE MITOGENOMAS DE
GAROUPAS DO ATLÂNTICO (PERCIFORMES; EPINEPHELIDAE)**

Trabalho de conclusão de curso apresentado à Faculdade de Ciências Biológicas, da Universidade Federal do Pará – UFPA, Campus Universitário de Bragança como requisito final para obtenção do título de Graduado em Licenciatura Plena em Ciências Biológicas.

Orientador: Prof. Dr. Marcelo Nazareno Vallinoto de Souza, UFPA, Campus Bragança, Instituto de Estudos Costeiros.

Coorientador: Dr. Rodrigo Petry Corrêa de Sousa, UFPA, Campus Bragança, Instituto de Estudos Costeiros.

BRAGANÇA-PA

2025

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) de acordo com ISBD
Sistema de Bibliotecas da Universidade Federal do Pará
Gerada automaticamente pelo módulo Ficat, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

C837a Costa Reis, Glória Maria da.
ANÁLISE COMPARATIVA E FILOGENÉTICA DE
MITOGENOMAS DE GAROUPAS DO ATLÂNTICO
(PERCIFORMES; EPINEPHELIDAE) / Glória Maria da Costa
Reis. — 2025.
x, 34 f. : il. color.

Orientador(a): Prof. Dr. Marcelo Nazareno Vallinoto de Souza
Coorientador(a): Prof. Dr. Rodrigo Petry Corrêa de Sousa
Trabalho de Conclusão (Graduação) - Universidade Federal do
Pará, Campus Universitário de Bragança, Faculdade de Ciências
Biológicas, Bragança, 2025.

1. Garoupas . 2. Filogenia. 3. Mitoenomas. 4. Parafilia. 5.
Sequenciamento de Nova Geração. I. Título.

CDD 576.5

**ANÁLISE COMPARATIVA E FILOGENÉTICA DE MITOGENOMAS DE
GAROPAS DO ATLÂNTICO (PERCIFORMES; EPINEPHELIDAE)**

Trabalho de conclusão de curso apresentado à Faculdade de Ciências Biológicas, da Universidade Federal do Pará – UFPA, Campus Universitário de Bragança como requisito final para obtenção do título de Graduado em Licenciatura Plena em Ciências Biológicas.

Data de aprovação: 20/02/2025

Banca examinadora

Orientador: Prof. Dr. Marcelo Nazareno Vallinoto de Souza

Universidade Federal do Pará; Campus Bragança; Instituto de Estudos Costeiros

Coorientador: Dr. Rodrigo Petry Corrêa de Sousa

Universidade Federal do Pará; Campus Bragança; Instituto de Estudos Costeiros

Examinadora interna: Me. Carla Denise Bessa Brito

Universidade Federal do Pará; Campus Bragança; Instituto de Estudos Costeiros

Examinador externo: Dr. Luan Pinto Rabelo

Instituto Tecnológico Vale Desenvolvimento Sustentável

Dedico este trabalho aos meus familiares e amigos por toda força, carinho e apoio durante essa jornada. Em especial ao meu tio Elbert Maurício (*in memoriam*), cuja lembrança me inspira todos os dias e me dá força para superar desafios. E a todos que acreditarem em mim.

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus, por me dar forças e me guiar em cada momento, e a todos que me incentivaram, compartilhando conselhos e experiências que tanto contribuíram para o meu aprendizado e crescimento durante essa jornada.

À minha família, que é o meu alicerce: ao meu pai, Edgar Augusto, por ser exemplo de perseverança e dedicação; à Kátia Matos, pelas palavras de incentivo que me motivaram a continuar nos momentos mais difíceis; e aos meus irmãos, que sempre estiveram ao meu lado, me incentivando e sendo exemplos de coragem e determinação. Obrigada por cada momento e conversa que tivemos.

Aos amigos que estiveram ao meu lado, em especial, agradeço a Thalia Vieira, Carlos Daniel e Heloisa Mendonça, que estão comigo ao longo de todos esses anos de amizade, compartilhando risadas, conselhos e apoio nos momentos em que mais precisei.

Aos professores e orientadores que me guiaram durante este processo, sempre dispostos a compartilhar seu conhecimento e me ajudar a crescer academicamente: à Prof.^a Aurycéia Guimarães, por ter me dado a primeira oportunidade de trabalhar no laboratório de Evolução, onde estive todos os anos da graduação, minha eterna gratidão.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Marcelo Vallinoto, pela oportunidade de realizar este trabalho e por todo apoio durante minha trajetória durante meus anos de iniciação científica, e aos doutores Luan Rabelo e Rodrigo Sousa, por toda orientação durante o processo. Agradeço também ao CNPq pelas bolsas concedidas.

Ao laboratório LEVO e aos meus colegas, Renata Furtado, Carla Bessa, Luciana Watanabe e todos que conheci através do laboratório, pela paciência, compreensão e ajuda ao longo dessa jornada. Cada um de vocês contribuiu para o meu aprendizado e crescimento.

À UFPA, ao IECOS, aos diretores do campus e da faculdade, aos guardas e servidores que me ajudaram durante esses 4 anos de graduação, pois o campus foi minha segunda casa. Agradeço também à turma bio20, por toda a troca de conhecimento e experiências.

Agradeço ao Vinícius Cunha, meu parceiro em tudo: trabalhos, seminários, estágios e aulas. Pela amizade, incentivo e apoio em todos os momentos, pela companhia constante e pela certeza de que eu conseguiria. Obrigada de coração pela parceria.

Por fim, agradeço a todos que, de alguma forma, contribuíram para que eu chegasse até aqui. Levo todos em meu coração.

"A vida é uma peça de teatro que não permite ensaios.
Por isso, cante, chore, dance, ria e viva intensamente,
antes que a cortina se feche e a peça termine sem
aplausos." (atribuído a Charlie Chaplin)

RESUMO

Os peixes da família Epinephelidae, comumente conhecidos como garoupas, são espécies de grande importância ecológica e econômica, sendo relevantes tanto para a conservação marinha quanto para a pesca comercial. O estudo dos mitogenomas dessas espécies é essencial para entender a diversidade genética do grupo, assim como, evolução e adaptação destes aos diferentes ambientes marinhos. Nesse contexto, este estudo focou na análise dos mitogenomas das espécies *Epinephelus morio* (garoupa-vermelha) e *Mycteroperca interstitialis* (garoupa-de-boca-amarela) da família Epinephelidae. Os mitogenomas sequenciados apresentaram comprimentos de 16.418pb e 17.455pb, respectivamente, e continham 37 genes mitocondriais, incluindo 13 genes codificadores de proteínas (PCGs), 22 tRNAs e 2 rRNAs, além de uma região de controle. A organização e a ordem gênica observadas são consistentes com o padrão encontrado em outras espécies da família e na maioria dos peixes teleósteos. Ambos os mitogenomas apresentaram uma composição de nucleotídeos semelhante, com variações pequenas nas proporções nucleotídicas. A análise do uso de códons e a estrutura dos genes mostraram semelhanças com outras espécies da família. A árvore filogenética gerada com base nos 13 genes codificadores de proteínas revelou relações próximas entre *E. morio* e outras espécies da mesma família, contudo, observam-se algumas incongruências nas relações entre gêneros, em virtude de arranjos com padrões parafiléticos de alguns grupos. Este estudo oferece uma base sólida em análises filogenéticas e destaca a importância de integrar dados moleculares para entender melhor as relações evolutivas entre as garoupas.

Palavras-chave: Garoupas; Filogenia; Mitogenomas; Parafilia; Sequenciamento de Nova Geração.

ABSTRACT

The fish of the Epinephelidae family, commonly known as groupers, are species of great ecological and economic importance, and are relevant to both marine conservation and commercial fishing. The study of the mitogenomes of these species is essential for understanding the genetic diversity of the group, as well as their evolution and adaptation to different marine environments. In this context, this study focused on analyzing the mitogenomes of the species *Epinephelus morio* (red grouper) and *Mycteroperca interstitialis* (yellowmouth grouper) of the Epinephelidae family. The sequenced mitogenomes showed lengths of 16,418 bp and 17,455 bp, respectively, and contained 37 mitochondrial genes, including 13 protein-coding genes (PCGs), 22 tRNAs, and 2 rRNAs, along with a non-coding control region. The organization and gene order observed are consistent with the pattern found in other species of the family and in most teleost fish. Both mitogenomes showed a similar nucleotide composition, with minor variations in nucleotide content. Analysis of codon usage and gene structure showed similarities with other species in the family. The phylogenetic tree generated on the basis of the 13 protein-coding genes revealed close relationships among *E. morio* and other species of the same family; however, there were some inconsistencies in the relationships among genera, due to arrangements with paraphyletic patterns in some groups. This study provides a robust basis for phylogenetic analysis and highlights the importance of integrating molecular data to better understand the evolutionary relationships among groupers.

Keywords: Groupers; Phylogeny; Mitogenomes; Paraphyly; Next-generation sequencing.

LISTA DE FIGURAS E TABELAS

Figura 1. Organização do genoma mitocondrial da família Epinephelidae sequenciados neste estudo. Os grupos de genes são visualmente distinguidos por suas respectivas cores. A- <i>Epinephelus morio</i> , B- <i>Mycteroperca interstitialis</i>	17
Figura 2. Frequência de aminoácidos nas espécies <i>Epinephelus morio</i> e <i>Mycteroperca interstitialis</i>	20
Figura 3. Uso relativo de códons sinônimos nos mitogenomas dos Epinephelidae sequenciados neste estudo.....	20
Figura 4. Características dos genomas dos Epinephelidae analisados. Em destaque (vermelho) as espécies sequenciadas neste estudo	21
Figura 5. Relações filogenéticas das espécies de Epinephelidae com base nos métodos de máxima verossimilhança e inferência bayseana. As análises consistiram das sequências de nucleotídeos concatenadas das 13 regiões PCGs. Em destaque (vermelho) as espécies sequenciadas neste estudo.....	22
Tabela 1. Conteúdo A, T, G, C dos mitogenomas completos e A+T skew e G+C skew das espécies sequenciadas.	18
Tabela 2. Características dos mitogenomas completos. Na esquerda a espécie <i>Epinephelus morio</i> e a direita <i>Mycteroperca interstitialis</i>	19
Tabela S1. Número de acesso das sequências dos genomas do GenBank utilizadas nas análises filogenéticas.	30

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO GERAL	11
1.1 Introdução	11
1.2 Justificativa.....	12
2 OBJETIVOS.....	14
2.1 Objetivo geral.....	14
2.2 Objetivos específicos	14
3 MATERIAIS E MÉTODOS	15
3.1 Amostragem e extração de DNA	15
3.2 Preparação da biblioteca e sequenciamento	15
3.3 Anotação e montagem dos mitogenomas	15
3.4 Banco de dados e análises filogenéticas	16
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	17
4.1 Organização e estrutura dos mitogenomas.....	17
4.2 PCGS, tRNAs, rRNAs e uso de códons	18
4.3 Relações filogenéticas na família Epinephelidae	21
5 CONCLUSÃO	24
REFÊRENCIAS.....	25
MATERIAL SUPLEMENTAR.....	29

1. INTRODUÇÃO GERAL

1.1 Introdução

Os peixes da família Epinephelidae, conhecidos vulgarmente como garoupas, correspondem a um grupo de peixes marinhos e recifais que incluem 177 espécies organizadas em 16 gêneros (FRICKE; ESCHMEYER; VAN DER LAAN, 2023). Esta família de peixes apresenta organismos comercialmente importantes que habitam zonas costeiras tropicais e subtropicais, com muitas espécies compartilhando as mesmas faixas de distribuição geográfica (CRAIG; SADOVY; HEEMSTRA, 2011; HAN; LV; CAI, 2011).

A espécie *Epinephelus morio* (garoupa-vermelha) é uma espécie marinha da família Epinephelidae, amplamente distribuída ao longo da costa do Atlântico Oeste, desde os Estados Unidos até o Caribe e América Central. Esta espécie é encontrada principalmente em recifes de corais, fundos rochosos e áreas próximas ao litoral, em profundidades variando de 10 a 60 metros. Sua dieta é composta por peixes menores e invertebrados, com um comportamento predominantemente territorial e predador. Embora uma espécie de grande importância para a pesca comercial, *E. morio* está classificada como "Vulnerável" pela União Internacional para a Conservação da Natureza (IUCN), devido à sobrepesca e à degradação de seus habitats naturais, o que impacta diretamente sua população (BURGOS *et al.*, 2007).

Mycteroperca interstitialis (garoupa-de-boca-amarela), outra espécie da família Epinephelidae, é encontrada no Golfo do México e nas águas do Atlântico Oeste. A garoupa-de-boca-amarela habita águas rasas, associando-se principalmente a recifes rochosos e áreas com fundo misto. Sua alimentação é variada, com ênfase em peixes menores e invertebrados, e exibe um comportamento migratório sazonal. A pesca excessiva, junto à destruição de seu habitat, coloca a espécie em risco, o que resultou na sua classificação como "Quase Ameaçada" pela IUCN. A conservação de *M. interstitialis* é crucial para o equilíbrio ecológico dos recifes e outros habitats marinhos (BULLOCK *et al.*, 1994).

Nos últimos anos, uma série de estudos moleculares tem contribuído para elucidar as relações entre as garoupas (CRAIG; SADOVY; HEEMSTRA, 2011; ZHUANG *et al.*, 2013; SCHOELINCK *et al.*, 2014; MA *et al.*, 2016; MA; CRAIG, 2018). Contudo, embora haja diversos estudos sobre a biologia evolutiva, dados sobre a evolução e organização do genoma mitocondrial das garoupas ainda são limitados, sendo que o DNA mitocondrial (mtDNA) tem sido uma ferramenta importante para determinar os índices de diversidade genética nas garoupas, dando uma contribuição importante para estudos de evolução e conservação, bem como fornecendo ferramentas moleculares para a identificação de espécies (DAMASCENO *et al.*, 2015; QU *et al.*, 2018; FADLI; MUCHLISIN; SITI-AZIZAH, 2020).

Os poucos dados existentes sobre a composição e organização do mtDNA mostravam um perfil do genoma mitocondrial conservado entre as garoupas (ZHUANG *et al.*, 2013; WU *et al.*, 2015; GAO *et al.*, 2017). Contudo, Zhuang *et al.* (2013) identificaram dois novos padrões de organização estrutural para duas garoupas do gênero *Variola* (Swainson, 1839) (*Variola albimarginata* Baissac, 1953 e *Variola louti* Forsskal, 1775) e para uma espécie do gênero *Cephalopholis* (Bloch; Schneider, 1801) (*Cephalopholis argus* Schneider, 1801).

Este fato é de particular interesse, uma vez que o genoma mitocondrial apresenta um sistema mais simples do que o genoma nuclear para estudar a dinâmica molecular e os mecanismos de rearranjos gênicos, que estão na base das variações do genoma (GOVEIA, 2010; BOORE, 2019). Além disso, devido as incongruências e inconsistências que existem em estudos sobre as relações filogenéticas de garoupas, novos dados mitocondriais gerados podem auxiliar na compreensão de determinados grupos (ZHUANG *et al.*, 2013; MA; CRAIG, 2018).

A mitocôndria é uma organela essencial presente nas células eucarióticas. Dentro das mitocôndrias encontra-se o mtDNA, que é uma molécula circular, de fita dupla, geralmente contendo, geralmente, 13 genes codificadores de proteínas (PCGs), 22 genes de RNA de transferência (tRNAs), 2 genes de RNA ribossômico (rRNAs) e uma região de controle. O genoma mitocondrial é herdado de forma materna, possui um alto número de cópias e uma alta taxa de mutação, e têm se mostrado marcadores valiosos e amplamente utilizados em ecologia molecular, biologia evolutiva, genética populacional, estudos filogenéticos animais e na identificação de espécies (SILVESTRE, 2006; SANTOS, 2012; MIYA *et al.*, 2013; GUIMARÃES-COSTA *et al.*, 2016).

Nessa perspectiva, a descrição e caracterização do genoma mitocondrial desses organismos é fundamental para aprofundar o entendimento da história evolutiva de Epinephelidae, permitindo a identificação de padrões filogenéticos, a reconstrução de relações evolutivas e a detecção de possíveis eventos de diversificação. Além disso, esses dados são cruciais para esclarecer incongruências taxonômicas e fornecem informações genéticas que podem ser utilizadas para monitorar a variabilidade populacional, identificar linhagens geneticamente distintas e apoiar estratégias de preservação de espécies ameaçadas.

1.2 Justificativa

Estudos voltados para a descrição e análise dos genomas mitocondriais das espécies da família Epinephelidae, que ainda não foram abordados na literatura, são fundamentais para expandir o conhecimento sobre a organização do genoma mitocondrial, bem como para elucidar seus aspectos evolutivos e implicações filogenéticas. Apesar da existência de estudos que

abordam a taxonomia e filogenia desse grupo, muitas das relações evolutivas entre as espécies permanecem incertas devido a inconsistências nos dados morfológicos e moleculares (ZHUANG *et al.*, 2013; MA; CRAIG, 2018).

Além disso, a descrição do genoma mitocondrial desses organismos oferece uma oportunidade única para preencher lacunas no entendimento da história evolutiva da família, uma vez que o DNA mitocondrial tem sido amplamente utilizado como ferramenta em estudos de filogenia, diversidade genética e identificação de espécies (MISHMAR, 2003; WHITE, 2008).

Ademais, a sobrepesca e a degradação dos habitats têm colocado diversas espécies de Epinephelidae em risco de extinção, tornando essencial o desenvolvimento de estratégias de conservação baseadas em dados genéticos robustos. Informações sobre a variabilidade populacional e a estrutura genética dessas espécies podem contribuir significativamente para o manejo adequado dos estoques pesqueiros e a implementação de políticas de conservação mais eficazes (PAULY *et al.*, 2002; MYERS *et al.*, 2003).

Por fim, esses dados contribuirão para a compreensão das relações filogenéticas, taxonômicas e evolutivas entre as espécies de Epinephelidae, e também fornecerão recursos moleculares valiosos para a identificação mais precisa de espécies, auxiliando na gestão sustentável da pesca e na conservação das garoupas, que possuem grande importância ecológica e econômica.

2. OBJETIVOS

2.1 Objetivo geral

O objetivo deste estudo é descrever e analisar o genoma mitocondrial das espécies *Epinephelus morio* e *Mycteroperca interstitialis*, com o intuito de caracterizar aspectos organizacionais dos genomas, refinar as relações filogenéticas dentro da família Epinephelidae e fornecer dados moleculares confiáveis para a sistemática do grupo.

2.2 Objetivos específicos

- ✓ Sequenciar, montar e realizar a anotação completa do genoma mitocondrial da espécie *E. morio*.
- ✓ Sequenciar, montar e realizar a anotação completa do genoma mitocondrial da espécie *M. interstitialis*.
- ✓ Descrever os elementos dos genomas mitocondriais, incluindo genes codificadores de proteínas (PCGs), tRNAs, rRNAs e a região controle.
- ✓ Comparar os genomas mitocondriais das duas espécies para identificar semelhanças e diferenças relevantes entre os grupos.
- ✓ Construir árvores filogenéticas baseadas em dados genômicos para esclarecer as relações evolutivas dentro da família Epinephelidae.
- ✓ Fornecer dados moleculares que ajudem a refinar a sistemática do grupo, contribuindo para uma melhor compreensão da biodiversidade e evolução das espécies.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Amostragem e extração de DNA

Neste estudo foram sequenciados os mitogenomas das espécies, *E. morio* e *M. inntertistialis*. Para isso, foram utilizadas amostras que já haviam sido previamente coletadas e preservadas em álcool 70%, e armazenadas no freezer a 4°C.

A extração total de mtDNA foi realizada a partir de tecidos de músculos e nadadeiras utilizando o kit Wizard Genomic DNA Purification da Promega (Promega Corporation, Madison, WI, EUA) de acordo com as recomendações do fabricante. Posteriormente, as amostras foram visualizadas em gel de agarose a 1% para avaliação da qualidade das amostras, observando a integridade do material.

3.2 Preparação da biblioteca e sequenciamento

Após a observação da qualidade do material extraído, as amostras foram submetidas a quantificação utilizando espectrofotômetro Nano-Drop 2000 (Thermo Scientific, Waltham, MA, EUA), e todas as amostras que apresentaram pelo menos 1 ng/μl de DNA foram selecionadas para o preparo da biblioteca de DNA.

As bibliotecas foram construídas a partir de ~50 ng de DNA genômico usando o kit *QXT SureSelect* (Agilent Technologies, Santa Clara, CA, EUA), com o qual as amostras de DNA foram submetidas a uma fragmentação enzimática aleatória e simultaneamente ligadas a adaptadores de acordo com as instruções do fabricante. Em seguida, as amostras foram purificadas e submetidas a uma reação de amplificação utilizando primers complementares aos adaptadores. Posteriormente, as bibliotecas foram quantificadas usando um fluorímetro Qubit 3.0 (Invitrogen, Waltham, MA, EUA) e verificadas quanto ao tamanho dos fragmentos em um Bioanalyzer 2100 (Agilent Technologies). Por fim, as bibliotecas foram diluídas em uma solução de Tris-HCl e Tween a 0,1% e agrupadas para serem sequenciadas em um Illumina NextSeq 500 com o kit v2 de alto rendimento (300 ciclos, 2 × 150 pb).

3.3 Anotação e montagem dos mitogenomas

Após receber os dados brutos gerados no sequenciamento, a qualidade dos dados foi analisada utilizando o software FastQC (ANDREWS, 2010). A montagem dos mitogenomas foi feita utilizando a ferramenta SPAdes v.3.15.2 (<http://cab.spbu.ru/software/spades/>) (LAPIDUS *et al.*, 2014) e, posteriormente, foram realizadas as anotações na ferramenta MitoAnnotator (IWASAKI *et al.*, 2013; ZHU *et al.*, 2023).

3.4 Banco de dados e análises filogenéticas

O banco de dados foi composto por sequências geradas neste estudo, além de sequências de mitogenomas adicionais de espécies da família Epinephelidae disponíveis na plataforma GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>), utilizando como filtro para busca os nomes das espécies de cada gênero seguindo os dados disponíveis no FishBase (<https://www.fishbase.se/search.php>) (Tabela S1).

As sequências dos genomas mitocondriais foram alinhadas no software MEGA 11 (KUMAR *et al.*, 2018), e o software PartitionFinder v.2.1.1 (LANFEAR *et al.*, 2017) foi utilizado para a escolha do melhor modelo de substituição nucleotídica para cada gene independentemente.

A construção da árvore filogenética de Máxima verossimilhança foi realizada no software IQ-TREE v.1.6.8 (NGUYEN *et al.*, 2015), utilizando apenas os 13 genes codificantes de proteínas (PCGs). A árvore gerada foi observada e editada no FigTree v.1.4.4 (RAMBAUT, 2016).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Organização e estrutura dos mitogenomas

Os mitogenomas completos de *E. morio* e *M. interstitialis* apresentaram o tamanho de 16.418pb e 17.455pb, respectivamente, possuindo tamanhos similares aos de outras espécies da família Epinephelidae (WANG *et al.*, 2022; KUNDU *et al.*, 2024). Embora o mitogenoma completo de *E. morio* (Figura 1A) seja menor em comprimento em relação a *M. interstitialis* (Figura 1B), ambos os mitogenomas contêm 37 genes mitocondriais (13 PCGs, 22 tRNAs e dois rRNAs) e uma região não codificante (Região Controle-RC) e apresentaram a ordem gênica padrão mais encontrada na literatura (ZHUANG *et al.*, 2013).

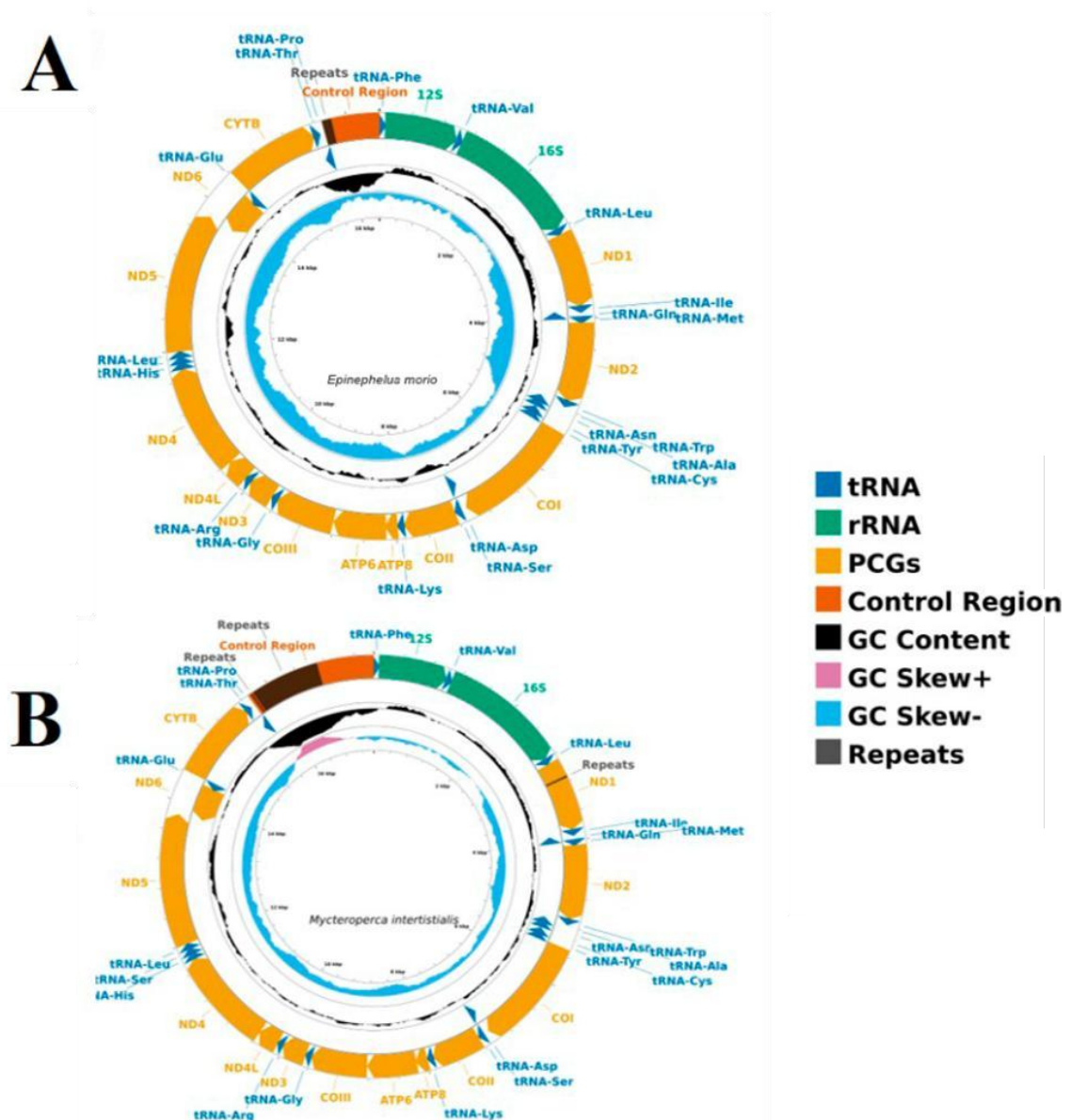


Figura 1. Organização do genoma mitocondrial da família Epinephelidae sequenciados neste estudo. Os grupos de genes são visualmente distinguidos por suas respectivas cores. A- *Epinephelus morio*, B- *Mycteroperca interstitialis*.

Ambas as espécies possuem dois tRNAs-Leu e tRNAs-Ser, o que já foi registrado em outras garoupas. Além disso, para ambas espécies também foram observadas a distribuição de 12 PCGs, 14 tRNAs e 2 rRNAs transcritos na fita pesada, enquanto 8 tRNAs e apenas um PCG (ND6) estavam presentes na fita leve. Tais padrões são semelhantes ao encontrado para a maioria dos peixes teleósteos (SHEN *et al.*, 2023; ALVARENGA *et al.*, 2024).

O mitogenoma da espécie *E. morio* apresentou a composição de nucleotídeos de aproximadamente 28,81% A, 27,71% T, 16,06% G e 27,42% C, enquanto a espécie *M. interstitialis* apresentou 28,93% A, 27,57% T, 16,26% G e 27,24% C (Tabela 1), sendo que o conteúdo A+T dos mitogenomas se demonstrou similar ao de outras espécies do gênero, como *Cephalopholis argus* (56,94%) e *Epinephelus hexagonatus* (55%) (WANG *et al.*, 2022; KUNDU *et al.*, 2024).

Tabela 1. Conteúdo A, T, G, C dos mitogenomas completos e A+T skew e G+C skew das espécies sequenciadas.

Espécies	Genoma total								
	Tamanho (bp)	A (%)	C (%)	T (%)	G (%)	GC%	AT%	AT-Skew	GC-Skew
<i>E. morio</i>	16418	4730 (28.81)	4501 (27.42)	4549 (27.71)	2637 (16.06)	43.48	56.52	0.02	-0.26
<i>M. interstitialis</i>	17455	5050 (28.93)	4755 (27.24)	4812 (27.57)	2838 (16.26)	43.50	56.50	0.02	-0.25

4.2 PCGS, tRNAs, rRNAs e uso de códons

Os mitogenomas de *E. morio* e *M. interstitialis* apresentaram 13 PCGs de tamanho 11434 pb e 11428 pb, respectivamente. A maioria dos PCGs foi iniciada com ATG em ambas as espécies, com exceção dos genes *COI* e *atp6* em *E. morio* e *COI*, *atp6* e *ND4* em *M. interstitialis*, que iniciaram com CTG, o que já foi encontrado em outras espécies da família Epinephelidae. Outrossim, o códon de parada mais utilizado entre as duas espécies foi TAA (Tabela 2). Em ambas as espécies, o gene *ND4* foi o de maior tamanho e o *atp8* o de menor tamanho. Os aminoácidos mais frequentes em *E. morio* foram Leucina (L), Prolina (P) e Serina (S), e em *M. interstitialis* foram Leucina (L) e Prolina (P), enquanto os aminoácidos Metionina (M) e Triptofano (W) foram menos comuns em ambas as espécies (Figura 2).

Tabela 2. Características dos mitogenomas completos. Na esquerda a espécie *Epinephelus morio* e a direita *Mycteroperca interstitialis*.

Gene	Localização	Espaço Intergênico	Tamanho (pb)	Códon	Fita
	Início - Fim			Iniciação - Parada	
tRNA-Phe	1/1 - 71/70	0/0	71/70		H
12S rRNA	72/71 - 1024/1023	0/0	952/952		H
tRNA-Val	1025/1024 - 1094/1093	0/0	69/69		H
16S rRNA	1095/1094 - 2796/2801	0/0	1701/1783		H
tRNA-Leu	2797/2802 - 2872/2877	0/0	75/75		H
ND1	2873/2878 - 3847/3825	0/0	974/947	ATG/ATG - TAA/TAA	H
tRNA-Ile	3850/3857 - 3919/3926	3/32	69/72		H
tRNA-Gln	3919/3926 - 3989/3969	-1/-1	70/43		L
tRNA-Met	3990/3997 - 4058/4065	0/28	68/68		H
ND2	4059/4066 - 5104/5111	0/0	1045/1045	ATG/ATG - TTA/ATA	H
tRNA-Trp	5105/5112 - 5175/5182	0/0	70/70		H
tRNA-Ala	5177/5184 - 5245/5252	1/1	68/68		L
tRNA-Asn	5246/5253 - 5320/5325	0/0	74/72		L
tRNA-Cys	5365/5367 - 5421/5433	45/25	56/66		L
tRNA-Tyr	5432/5434 - 5502/5504	11/0	70/70		L
COI	5504/5506 - 7054/7056	1/1	1550/1550	GTG/GTG - TAG/TAA	H
tRNA-Ser	7056/7061 - 7126/7131	1/5	70/70		L
tRNA-Asp	7130/7135 - 7202/7207	4/4	72/72		H
COII	7210/7216 - 7900/7906	8/9	690/690	ATG/ATG - CCT/CCT	H
tRNA-Lys	7901/7907 - 7974/7980	0/0	73/73		H
ATP8	7976/7982 - 8143/8149	1/1	167/167	ATG/ATG - TAA/TAA	H
ATP6	8128/8140 - 8816/8822	-15/-9	688/682	CTG/CTG - CTA/CTA	H
COIII	8817/8823 - 9601/9607	0/0	784/784	ATG/ATG - CTA/ATA	H
tRNA-Gly	9602/9608 - 9673/9679	0/0	71/68		H
ND3	9674/9680 - 10,022/10,028	0/0	348/348	ATG/ATG - AAT/AAT	H
tRNA-Arg	10,023/10,029 - 10,091/10,097	0/0	68/68		H
ND4L	10,092/10,098 - 10,388/10,394	0/0	296/296	ATG/ATG - TAA/TAA	H
ND4	10,382/10,388 - 11,762/11,768	-6/-6	1380/1458	ATG/GTG - ACT/GCT	H
tRNA-His	11,763/11,769 - 11,832/11,838	0/0	69/69		H
tRNA-Ser	11,835/11,839 - 11,900/11,909	3/0	65/150		H
tRNA-Leu	11,910/11,917 - 11,982/11,989	10/8	72/72		H
ND5	11,983/11,990 - 13,821/13,828	0/0	1838/1838	ATG/ATG - TAA/TAA	H
ND6	13,818/13,825 - 14,339/14,346	-3/-3	521/521	ATG/ATG - TAA/TAA	L
tRNA-Glu	14,340/14,347 - 14,408/14,415	0/0	68/68		L
Cyt b	14,416/14,423 - 15,556/15,563	8/8	1140/1140	ATG/ATG - GAT/GAT	H
tRNA-Thr	15,557/15,564 - 15,629/15,636	0/0	72/72		H
tRNA-Pro	15,629/15,636 - 15,699/15,705	-1/-1	70/69		L
Região controle	15,700/15,706 - 16,418/17,455	0/0	718/ 1749		

pb – pares de bases; H – fita pesada; L – fita leve.

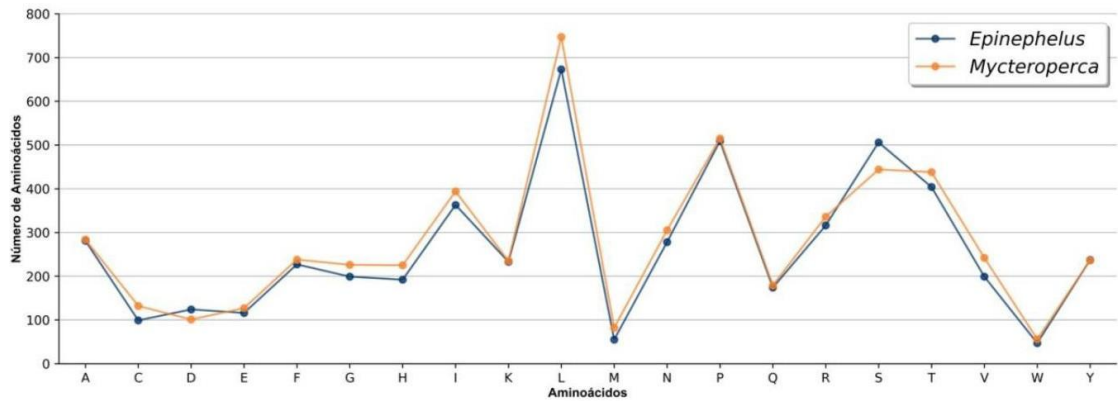


Figura 2. Frequência de aminoácidos nas espécies *Epinephelus morio* e *Mycteroperca interstitialis*.

Não houve diferença significativa na análise de uso de códons sinônimos (RSCU) entre as duas espécies, sendo que os códons mais frequentemente usados foram CGA e UGA (Figura 3). A composição dos códons mais utilizados é abundante em A e T, e dos menos utilizados C e G, sendo esse padrão também frequentemente encontrado em outras espécies de peixes teleósteos (WANG *et al.*, 2022).

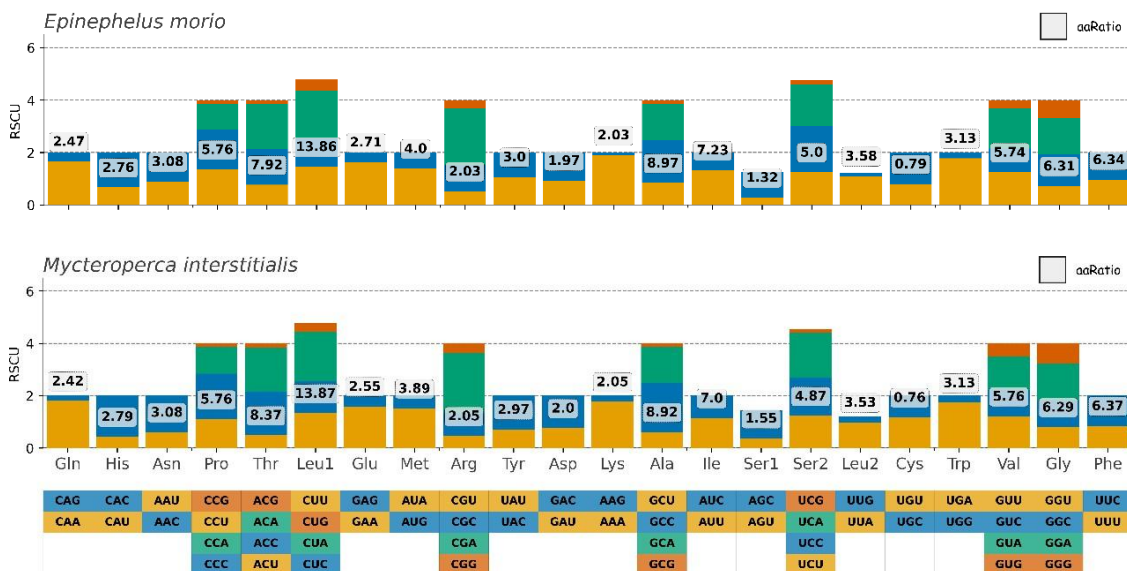


Figura 3. Uso relativo de códons sinônimos nos mitogenomas dos Epinephelidae sequenciados neste estudo.

O tamanho total dos tRNAs e rRNAs foram similares entre as duas espécies, sendo que em *E. morio* foi 1.561 pb e 2.655 pb, respectivamente, e *M. interstitialis* com 1.562 pb e 2.661 pb (Figura 4a; 4b). Outrossim, a RC se demonstrou com grande diferença no tamanho, no qual *E. morio* apresentou 718 pb e *M. interstitialis* 1.748 pb (Figura 4c). O tamanho da RC da espécie *M. interstitialis* foi o maior relatado entre as espécies disponíveis do gênero e da família, e isto ocorre em muitos casos em decorrência de repetições que comumente são encontradas nessa porção do DNA mitocondrial (ZHUANG *et al.*, 2013).

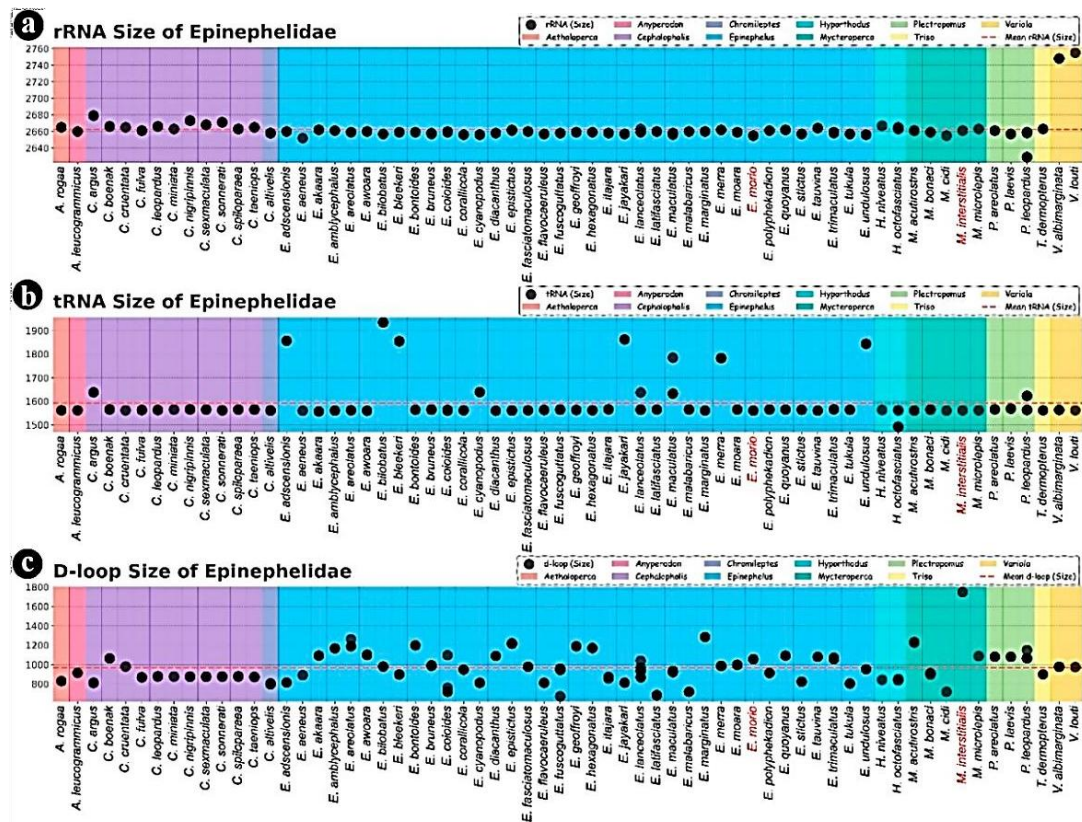


Figura 4. Características dos genomas dos Epinephelidae analisados. Em destaque (vermelho) as espécies sequenciadas neste estudo.

4.3 Relações filogenéticas na família Epinephelidae

A análise de Máxima Verossimilhança foi realizada utilizando os 13 genes codificadores de proteína de 55 espécies, dentre elas, espécies geradas neste estudo e espécies disponíveis em bancos públicos, totalizando 155 sequências. A topologia da árvore gerada corrobora resultados de outros estudos já publicados, e demonstra a complexidade da família Epinephelidae (ZHUANG *et al.*, 2013; MA; CRAIG, 2018). O gênero *Plectropomus* se demonstrou mais externo entre os gêneros sendo fortemente suportado (>95%). As espécies descritas neste estudo foram agrupadas corretamente, sendo que *E. morio* agrupou com outro táxon já publicado da mesma espécie e *M. interstitialis* com o clado composto com as espécies do mesmo gênero, além de *Epinephelus marginatus* (Lowe, 1834), ou seja, o gênero *Epinephelus* é parafilético e isto corrobora com outros estudos que sugerem a atribuição da espécie ao gênero *Mycteroperca* (MA; CRAIG, 2018). Os gêneros *Epinephelus* e *Cephalopholis* demonstraram não ser grupos monofiléticos, assim como em outros estudos (WANG *et al.*, 2022). Contudo, corroboramos resultados que sugerem a incorporação da espécie monotípica *Aethaloperca rogae* (Forsskål, 1775) no gênero *Cephalopholis* (Figura 5).

Mesmo com algumas incongruências nas relações dentro da família Epinephelidae, o presente estudo sugere mudanças na sistemática do grupo. Além disso, os resultados aqui apresentados fornecem uma base sólida para futuras análises filogenéticas e evolutivas das garoupas e destacam a necessidade de investigações adicionais para explorar as complexas relações entre as espécies, integrando no futuro dados moleculares, morfológicos e biogeográficos

5. CONCLUSÃO

Neste estudo, sequenciamos e analisamos os mitogenomas completos de *E. morio* e *M. interstitialis*, revelando que ambos apresentam tamanhos de 16.418pb e 17.455pb, respectivamente, com uma estrutura genômica e ordem gênica padrão similar à de outras espécies da família Epinephelidae. Ambos os mitogenomas contêm 37 genes mitocondriais, incluindo 13 genes codificadores de proteínas, 22 tRNAs e 2 rRNAs, além de uma região não codificante, padrão encontrado na maioria dos peixes teleósteos. As composições de nucleotídeos dos mitogenomas são semelhantes, com pequenas variações nas proporções de adenina, timina, guanina e citosina. Além disso, os resultados fornecem uma base sólida para futuras análises filogenéticas e evolutivas das garoupas e destacam a necessidade de investigações adicionais para explorar as complexas relações entre as espécies, integrando dados moleculares, morfológicos e de biogeografia.

REFERÊNCIAS

ALVARENGA, Marcela et al. Mitochondrial genome structure and composition in 70 fishes: a key resource for fisheries management in the South Atlantic. **BMC genomics**, v. 25, n. 1, p. 215, 2024.

ANDREWS, S. **FastQC: a quality control tool for high throughput sequence data**. 2010.

BOORE, Jeffrey L. Complete mitochondrial genome sequence of the polychaete annelid *Platynereis dumerilii*. **Molecular biology and evolution**, v. 18, n. 7, p. 1413-1416, 2001.

BULLOCK, Lewis H.; MURPHY, Michael D. Aspectos da história de vida do garoupa-de-boca-amarela, *Mycteroperca interstitialis*, no leste do Golfo do México. **Bulletin of Marine Science**, v. 55, n. 1, p. 30-45, 1994.

BURGOS, Julian M. et al. História de vida do garoupa-vermelha (*Epinephelus morio*) nas costas da Carolina do Norte e Carolina do Sul. **Bulletin of Marine Science**, v. 80, n. 1, p. 45-65, 2007.

CRAIG, Matthew T.; SADOVY, Yvonne M.; HEEMSTRA, Phillip C. **Groupers of the world: a field and market guide**. 2011.

DAMASCENO, Júnio S. et al. Evidências en el ADN mitocondrial reflejan una incipiente estructuración poblacional en el mero guasa del Atlántico (*Epinephelus itajara*, Epinephelidae) en Brasil. **Scientia Marina**, p. 419-429, 2015.

FADLI, Nur; MUCHLISIN, Zainal A.; SITI-AZIZAH, Mohd N. DNA barcoding of commercially important groupers (Epinephelidae) in Aceh, Indonesia. **Fisheries Research**, v. 234, p. 105796, 2021.

FRICKE, R.; ESCHMEYER, W. N.; VAN DER LAAN, R. **Eschmeyer's catalog of fishes: genera, species, references**. 2023. Disponível em: <<http://researcharchive.calacademy.org/research/ichthyology/catalog/fishcatmain.asp>>. Acesso em: 04 janeiro de 2025.

GAO, Fengtao et al. Characterization of the complete mitochondrial genome of the hybrid *Epinephelus moara*♀ × *Epinephelus lanceolatus*♂, and phylogenetic analysis in subfamily epinephelinae. **Journal of Ocean University of China**, v. 16, p. 555-563, 2017.

GOVEIA, Christiane Oliveira. **Sequenciamento parcial do DNA mitocondrial de *Biomphalaria straminea* e análise comparativa com *Biomphalaria glabrata* e *Biomphalaria tenagophila***. Dissertação (Mestrado em Ciências) – Centro de Pesquisas René Rachou, Fundação Oswaldo Cruz. Belo Horizonte/MG, p. 78. 2010.

GUIMARÃES-COSTA, A. et al. Exploring the molecular diversity of Eleotridae (Gobiiformes) using mitochondrial DNA. **Journal of Applied Ichthyology**, v. 33, n. 3, p. 572-578, 2017.

HAN, Jie; LV, Fenghua; CAI, Houcai. Detection of species-specific long VNTRs in mitochondrial control region and their application to identifying sympatric Hong Kong grouper (*Epinephelus akaara*) and yellow grouper (*Epinephelus awoara*). **Molecular Ecology Resources**, v. 11, n. 1, p. 215-218, 2011.

IWASAKI, Wataru et al. MitoFish and MitoAnnotator: a mitochondrial genome database of fish with an accurate and automatic annotation pipeline. **Molecular Biology and Evolution**, v. 30, n. 11, p. 2531-2540, 2013.

KUNDU, Shantanu et al. Mitogenomic characterization and phylogenetic placement of African hind, *Cephalopholis taeniops*: Shedding light on the evolution of groupers (Serranidae: Epinephelinae). **International Journal of Molecular Sciences**, v. 25, n. 3, p. 1822, 2024.

KUMAR, Sudhir et al. MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. **Molecular Biology and Evolution**, v. 35, n. 6, p. 1547-1549, 2018.

LANFEAR, Robert et al. PartitionFinder 2: A new method for selecting partitioned models of evolution for phylogenetic analyses. **Molecular Biology and Evolution**, v. 34, n. 3, p. 772-773, 2017.

LAPIDUS, Alla et al. SPAdes: A new genome assembly tool for single-cell data. **Journal of Computational Biology**, v. 21, n. 7, p. 1151-1162, 2014.

MA, Ka Y.; CRAIG, Matthew T. An inconvenient monophyly: an update on the taxonomy of the groupers (Epinephelidae). **Copeia**, v. 106, n. 3, p. 443-456, 2018.

MA, Ka Yan et al. The historical biogeography of groupers: clade diversification patterns and processes. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 100, p. 21-30, 2016.

MISHMAR, Dan et al. Seleção natural moldou variação regional do mtDNA em humanos. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 100, n. 1, p. 171-176, 2003.

MIYA, Masaki et al. Evolutionary origin of the Scombridae (tunas and mackerels): members of a Paleogene adaptive radiation with 14 other pelagic fish families. **PLOS One**, v. 8, n. 9, p. e73535, 2013.

MYERS, Ransom A.; WORM, Boris. Depleção rápida mundial de comunidades de peixes predadores. **Nature**, v. 423, n. 6937, p. 280-283, 2003.

NGUYEN, Lam-Tung et al. IQ-TREE: a fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies. **Molecular Biology and Evolution**, v. 32, n. 1, p. 268-274, 2015.

PAULY, Daniel et al. Rumo à sustentabilidade nas pescarias mundiais. **Nature**, v. 418, n. 6898, p. 689-695, 2002.

QU, Meng et al. Genetic diversity within grouper species and a method for interspecific hybrid identification using DNA barcoding and RYR3 marker. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 121, p. 46-51, 2018.

RAMBAUT, A. **FigTree v1. 4.3 2006–2016**. Tree Figure Drawing Tool, 2016.

SANTOS, Marco Antonio de Oliveira dos. **Reconstrução Filogenética do Filo Arthropoda**

Baseada no Genoma Mitocondrial. Dissertação (Mestrado em Genética) – Centro de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Pernambuco. Recife/PE, p. 106. 2012.

SCHOELINCK, Charlotte et al. A phylogenetic re-analysis of groupers with applications for ciguatera fish poisoning. **PLOS One**, v. 9, n. 8, p. e98198, 2014.

SHEN, Z. et al. Mitogenome Characterization of a Vulnerable Gastromyzontid Fish, *Beaufortia pingi* (Gastromyzontidae): Genome Description and Phylogenetic Considerations. **Journal of Ichthyology**, v. 63, n. 4, p. 735-746, 2023.

SILVESTRE, Daniela. **Evolução do genoma mitocondrial e relações filogenéticas entre abelhas da subfamília Apinae.** Tese (Doutorado em Genética) - Universidade de São Paulo. São Paulo/SP. 2006.

WANG, Chen et al. Comparative analysis of four complete mitochondrial genomes of Epinephelidae (Perciformes). **Genes**, v. 13, n. 4, p. 660, 2022.

WHITE, Daniel James et al. Revelando as complexidades ocultas da herança do mtDNA. **Molecular ecology**, v. 17, n. 23, p. 4925-4942, 2008.

WU, Xiaorui et al. The complete mitochondrial genome of the duskytail grouper *Epinephelus bleekeri* (Serranidae: Epinephelinae). **Mitochondrial DNA**, v. 26, n. 5, p. 722-723, 2015.

ZHU, Tao et al. MitoFish, MitoAnnotator, and MiFish Pipeline: Updates in 10 Years. **Molecular Biology and Evolution**, v. 40, n. 3, p. msad035, 2023.

ZHUANG, Xuan et al. A comprehensive description and evolutionary analysis of 22 grouper (Perciformes, Epinephelidae) mitochondrial genomes with emphasis on dois novel genome organizations. **PLOS One**, v. 8, n. 8, p. e73561, 2013.

MATERIAL SUPPLEMENTAR

Tabela S1. Número de acesso das sequências dos genomas do GenBank utilizadas nas análises filogenéticas.

Espécies	Número de sequências	Código de acesso
<i>Epinephelus morio</i>	1	Presente estudo
<i>Mycteroperca interstitialis</i>	1	Presente estudo
<i>Aethaloperca rogae</i>	3	KC593376.1
		KP833628.1
		NC_022141.1
<i>Anyperodon leucogrammicus</i>	2	GQ131336.1
		NC_012709.1
<i>Caranx melampygus</i>	1	NC_004406.1
<i>Cephalopholis argus</i>	2	KC593377.1
		NC_022142.1
<i>Cephalopholis boenak</i>	2	KC537759.1
		NC_021134.1
<i>Cephalopholis fulva</i>	2	NC_087987.1
		PP032959.1
<i>Cephalopholis leopardus</i>	2	MW560467.1
		NC_065827.1
<i>Cephalopholis miniata</i>	1	MW423580.1
<i>Cephalopholis sexmaculata</i>	2	KJ469385.1
		NC_024100.1
<i>Cephalopholis sonnerati</i>	2	KC593378.1
		NC_022143.1
<i>Cephalopholis spiloparaea</i>	2	MW560468.1
		NC_065828.1
<i>Cephalopholis taeniops</i>	2	NC_086959.1
		OQ420715.1
<i>Cephalopholis urodeta</i>	3	KU891818.2
		MZ411547.1
		NC_030057.1
<i>Cromileptes altivelis</i>	4	KC593375.1
		KC845547.1
		NC_021614.1
		OP980561.1
<i>Epinephelus adscensionis</i>	2	NC_087997.1
		PP032971.1
<i>Epinephelus aeneus</i>	1	LC545417.1
<i>Epinephelus akaara</i>	5	EU043377.1
		KJ700439.1
		KJ700440.1
		KM458971.1
		NC_011113.1

<i>Epinephelus amblycephalus</i>	2	NC_072595.1 OM370929.1
<i>Epinephelus areolatus</i>	3	KC466080.1 KC593374.1 NC_020785.1
<i>Epinephelus awoara</i>	3	JX109835.1 KT240121.1 NC_018773.1
<i>Epinephelus bilobatus</i>	2	NC_069198.1 ON321831.1
<i>Epinephelus bleekeri</i>	2	KF556648.1 NC_022848.1
<i>Epinephelus bontoides</i>	2	KT619054.1 NC_028428.1
<i>Epinephelus bruneus</i>	3	FJ594964.1 JQ518289.1 NC_013820.1
<i>Epinephelus chlorostigma</i>	2	KR872887.1 NC_032086.1
<i>Epinephelus coioides</i>	4	EU043376.1 KM377093.1 MW752082.1 NC_011111.1
<i>Epinephelus corallicola</i>	2	KP072053.1 NC_026731.1
<i>Epinephelus cyanopodus</i>	2	NC_068845.1 ON000908.1
<i>Epinephelus epistictus</i>	3	KC593373.1 KC816460.1 NC_021462.1
<i>Epinephelus fasciatomaculosus</i>	2	KC480085.1 NC_020782.1
<i>Epinephelus flavocaeruleus</i>	2	NC_068783.1 OM994728.1
<i>Epinephelus fuscoguttatus</i>	5	JX119192.1 KP013758.1 MK791189.1 NC_020046.1 OP980558.1
<i>Epinephelus hexagonatus</i>	2	MW560469.1 NC_065829.1
<i>Epinephelus itajara</i>	1	OP056827.1

		FJ472837.1
		HQ660062.1
<i>Epinephelus lanceolatus</i>	6	KJ451389.1
		KM386619.1
		NC_011715.1
		OP980559.1
<i>Epinephelus latifasciatus</i>	2	KC480177.1
		NC_020784.1
<i>Epinephelus maculatus</i>	3	NC_067042.1
		OK413206.1
		ON321832.1
<i>Epinephelus malabaricus</i>	2	KM873711.1
		NC_028406.1
<i>Epinephelus marginatus</i>	2	NC_087998.1
		PP032972.1
<i>Epinephelus merra</i>	2	AP005991.1
		NC_022509.1
<i>Epinephelus moara</i>	3	JQ518290.1
		KP009977.1
		NC_017891.1
<i>Epinephelus morio</i>	2	NC_087999.1
		PP032973.1
<i>Epinephelus multinotatus</i>	2	NC_068846.1
		ON000909.1
<i>Epinephelus polyphekadion</i>	2	NC_072956.1
		OP980557.1
<i>Epinephelus quoyanus</i>	2	NC_021450.1
		KC790539.1
<i>Epinephelus sexfasciatus</i>	2	KC959953.1
		NC_021765.1
<i>Epinephelus stictus</i>	2	KC527593.1
		NC_021133.1
<i>Epinephelus tauvina</i>	2	MW194890.1
		NC_056898.1
<i>Epinephelus trimaculatus</i>	3	KC593372.1
		KC847086.1
		NC_021612.1
<i>Epinephelus tukula</i>	2	KJ414470.1
		NC_024039.1
<i>Epinephelus undulosus</i>	2	NC_071920.1
		OP210315.1
<i>Etheostoma radiosum</i>	1	NC_005254.2
<i>Hyporthodus niveatus</i>	1	OP056896.1
<i>Hyporthodus octofasciatus</i>	2	JX135579.1
		NC_020047.1

<i>Hyporthodus septemfasciatus</i>	2	FJ594966.1 NC_013829.1
<i>Mycteroperca acutirostris</i>	2	NC_088013.1 PP032989.1
<i>Mycteroperca bonaci</i>	1	OP035077.2
<i>Mycteroperca microlepis</i>	1	OP056885.2
<i>Perca flavescens</i>	1	NC_019572.1
<i>Plectropomus areolatus</i>	2	KC262636.1 NC_021405.1
<i>Plectropomus laevis</i>	2	MN688375.1 NC_057260.1
<i>Plectropomus leopardus</i>	6	DQ101270.1 JQ420073.1 JQ420074.1 KJ101555.1 KJ101556.1 NC_008449.1
<i>Toxotes chatareus</i>		MW689259.1
<i>Triso dermopterus</i>	2	KC593371.1 NC_022140.1
<i>Variola albimarginata</i>	2	KC593370.1 NC_022139.1
<i>Variola louti</i>	1	NC_022138.1
