

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP CENTRO DE AQUICULTURA  
DA UNESP**

**DEFESA DE DOUTORADO**

**RECURSOS GENÔMICOS PARA *Megaleporinus macrocephalus*: SUBSÍDIOS PARA  
AQUICULTURA**

**Carolina Heloisa de Souza Borges**

Jaboticabal, São Paulo

2022

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP CENTRO DE AQUICULTURA  
DA UNESP**

**DEFESA DE DOUTORADO**

**RECURSOS GENÔMICOS PARA *Megaleporinus macrocephalus*: SUBSÍDIOS PARA  
AQUICULTURA**

**Carolina Heloisa de Souza Borges**

**Orientador: Dr. Diogo Teruo Hashimoto**

**Coorientador: Dr. Ricardo Utsunomia**

Tese apresentada ao Programa de  
Pós-graduação em Aquicultura do  
Centro de Aquicultura da UNESP -  
CAUNESP, como parte dos requisitos  
para obtenção do título de Doutor em  
Aquicultura

Jaboticabal, São Paulo

2022

D155a      Borges, Carolina Heloisa de Souza  
Recursos genômicos para *Megaleporinus macrocephalus*: subsídios  
para aquicultura / Carolina Heloisa de Souza Borges. -- Jaboticabal, 2022  
x, 127 p. : il. ; 29 cm

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Centro de  
Aquicultura, 2022

Orientador: Diogo Teruo Hashimoto

Coorientador: Ricardo Utsunomia

Banca examinadora: Duílio Zerbinato, Frederico Henning, Pedro  
Galetti, Marcelo de Bello Cioffi

Bibliografia

1. Peixes tropicais. 2. Genoma. 3. Cromossomos sexuais. 4. Genes. I.  
Título. II. Jaboticabal-Centro de Aquicultura.

CDU 636.3.043

Ficha Catalográfica elaborada pela STATI - Biblioteca da UNESP  
Campus de Jaboticabal/SP - Karina Gimenes Fernandes - CRB 8/7418

## CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

**TÍTULO:** Recursos genômicos para *Megaleporinus macrocephalus*: subsídios para aquicultura

**AUTORA:** CAROLINA HELOISA DE SOUZA BORGES

**ORIENTADOR:** DIOGO TERUO HASHIMOTO

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Doutora em AQUICULTURA, pela Comissão Examinadora:



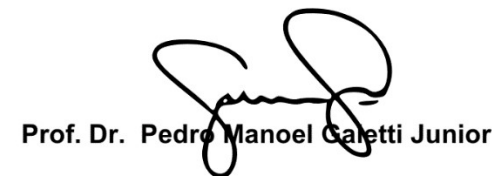
Prof. Dr. DIOGO TERUO HASHIMOTO (Participação Virtual)

Laboratório de Genética / Centro



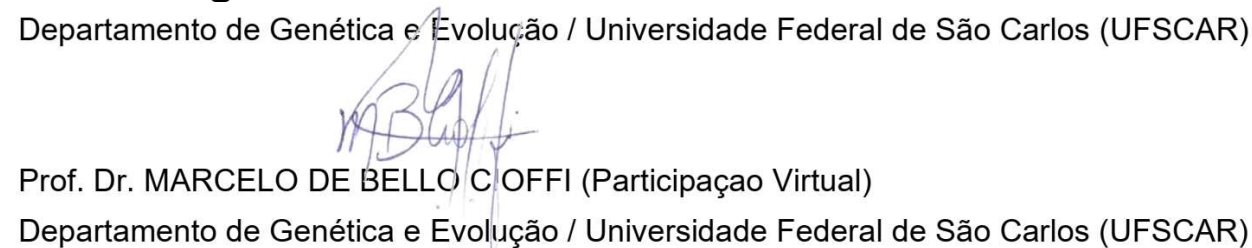
Prof. Dr. FREDERICO HENNING (Participação Virtual)

Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ) / Departamento de Genética



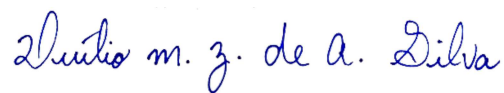
Prof. Dr. Pedro Manoel Galetti Junior

Departamento de Genética e Evolução / Universidade Federal de São Carlos (UFSCAR)



Prof. Dr. MARCELO DE BELLO COFFI (Participação Virtual)

Departamento de Genética e Evolução / Universidade Federal de São Carlos (UFSCAR)



Prof. Dr. DUILIO MAZZONI ZERBINATO DE ANDRADE SILVA (Participação Virtual)

National Institute of Health, EUA

Jaboticabal, 29 de março de 2022

Ao Billy e vó Dirce, dedico...

Felicidade foi-se embora e a  
saúde no meu peito ainda  
mora ....

## Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

Ao meu orientador Dr. Diogo Teruo Hashimoto, em primeiro lugar, pela oportunidade do doutorado. Por ser um ótimo orientador e sempre estar muito presente. Por ter contribuído tanto com meu desenvolvimento profissional durante o doutorado.

Ao meu coorientador Dr. Ricardo Utsunomia, da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ) por toda colaboração na realização deste trabalho.

Ao Dr. Ross Houston, Dr. Agustín Barría e Dra. Carolina Peñaloza, do Roslin Institute, da University of Edinburgh, por todo o suporte na Escócia/Brasil e pelo acompanhamento durante todo o desenvolvimento deste projeto.

À Dra. Marcela Uliano-Silva, do Sanger Institute, pelo exemplo profissional e por todo os conhecimentos compartilhados em *data analysis*.

Ao Dr. Yann Guiguen, do National Research Institute for Agriculture, Food and the Environment (INRAE), pelo aprendizado e por todo o suporte nas análises de *Pool-sex*.

Ao Dr. Ricardo Hattori, Dr. Arno Juliano Butzge, Dra. Yara e Túlio, do Instituto de Pesca de Campos do Jordão, por todo conhecimento compartilhado e ensinamentos na área de histologia e diferenciação sexual de peixes.

Ao Dr. Alessandro Varani, da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV), por todo o aprendizado e especialmente por todo auxílio na anotação do genoma.

Ao Dr. José Manuel Yáñez, da Universidad de Chile, por todo suporte durante minha estadia no Chile e por me abrir as portas à genômica.

À dona Sueli, do projeto Peixes, por toda boa vontade com a gente e auxílio nas coletas.

Aos integrantes e ex-integrantes do Laboratório de Genética em Aquicultura e Conservação (LaGeAC): Vito, John, Shysley, Rubens, Valéria, Celma, Marcelo, Natália, Milena e Raquel, por toda colaboração na realização deste trabalho e principalmente pelas conversas, cafézinhos, rolês e cervejas compartilhadas.

Ao Valdecir e ao Perereca, técnicos do Centro de Aquicultura (CAUNESP), por toda a ajuda sempre e em tudo.

A todos os funcionários do Caunesp, em especial às tias: Lucia, Eleuza e Elaine, e ao David, da Pós-Graduação.

À minha vó Dirce, meu anjo-da-guarda, e meu maior exemplo.

Ao Billy, meu fiel-escudeiro, por toda sua lealdade, carinho e amor incondicional.

À minha mãe Patrícia e meu pai João, meus exemplos, por sempre me ensinarem a importância dos estudos, pelo amor incondicional e apoio imensurável.

À minha irmãzinha Valentina, simplesmente por existir e por deixar meus dias muito mais felizes.

Ao meu colega e namorado, Inácio Mateus Assane, por todos os bons momentos, conversas, parceria e principalmente por ser tão estranho quanto eu.

À toda minha família, especialmente meus primos-irmãos: Kaity, Marcelo e Giuli, à minha madrinha Durva, minha tia Vera e meus tios Ginho e Tedy.

Às minhas grandes comadres, Thais e Maria Carol, que mesmo há milhares de quilômetros de distância estão sempre presentes.

À todo pessoal de Jabuka, por todos os momentos especiais compartilhados durante este período.

À todos que contribuíram de alguma forma com este trabalho.

À Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV) e ao Centro de Aquicultura (CAUNESP) pelo privilégio de poder trabalhar neste lugar maravilhoso.

## Resumo Geral

O piaçu, *Megaleporinus macrocephalus*, pertencente à família Anostomidae, apresenta alto valor econômico para a aquicultura brasileira. Devido a presença de um sistema ZZ/ZW de cromossomos sexuais, ele representa a única espécie relevante para a aquicultura brasileira que pode ser manipulada cromossomicamente. Adicionalmente, por apresentarem um notável dimorfismo sexual no crescimento, com as fêmeas adultas atingindo tamanhos bem maiores que os machos, um genoma de referência de alta qualidade seria um recurso muito útil para correta identificação dos mecanismos moleculares envolvidos na determinação sexual. Assim, o presente trabalho teve como objetivo a construção de um genoma de referência valioso para estudos de genômica funcional no piaçu, além de fornecer *insights* sobre a evolução dos cromossomos sexuais e mecanismos de determinação do sexo. No presente estudo, usamos leituras longas PacBio, leituras curtas e dados de Hi-C para montar um genoma de alta qualidade, pseudo haploide e em nível cromossômico. O genoma contém 27 cromossomos, incluindo o cromossomo sexual, o que corresponde ao número de cromossomos haploide da espécie. O cromossomo sexual é composto por 24 Mb da região pseudo-autossômica de Z e W e regiões específicas de Z e W (18 Mb e 3 Mb, respectivamente). O novo genoma forneceu informações sobre características intrigantes da espécie e foi usado como referência em várias análises relacionadas à evolução do cromossomo sexual e determinação do sexo de *M. macrocephalus* e em uma espécie próxima, *Leporinus friderici*. Usamos informações de segregação de famílias para construir um mapa genético que destacou as diferenças entre os mapas físico (genoma) e o genético, e evidenciou a supressão da recombinação no cromossomo sexual. Sequências completas do genoma de machos e fêmeas revelaram diferenças sexo-específicas que permitiram a delimitação de diferentes estratos no cromossomo sexual e reflexões sobre seu processo evolutivo. Dados de expressão de machos e fêmeas no período de

determinação do sexo permitiu a identificação dos genes CCDC114 e IGFBP-6 como candidatos à determinação do sexo no piaçu.

**Palavras-chave:** cromossomo Z, cromossomo W, genoma, Characiformes, Anostomidae

## General Abstract

In the present study, we used PacBio long reads, short reads, and Hi-C data to assemble a high-quality chromosome-level pseudo-haploid genome for *Megaleporinus macrocephalus* containing 27 chromosomes, including the sex chromosome, which corresponds to the karyotype data of the species. The sex chromosome is composed of 24 Mb of the pseudo-autosomal region of Z and W, and specific regions of Z and W (18 Mb and 3 Mb, respectively).

The new genome provided insights into intriguing characteristics of the species and was used as a reference in various analyses related to the sex chromosome evolution and sex determination of *M. macrocephalus* and a closely related species, *Leporinus friderici*. We used family segregation information to construct a genetic map that highlighted differences between physical and genetic maps, and evidenced recombination suppression in the sex chromosome. Whole-genome sequences of males and females revealed sex-biased differences that permitted the delimitation of different *strata* in the sex chromosome and insights into its evolutionary processes. Transcript expression data of males and females in the period of sex determination allowed the identification of the coiled-coil domain containing 114 (CCDC114) and the insulin-like growth factor binding protein (IGFBP-6) as sex determination candidate genes of piaçu.

**Keywords:** Z chromosome, W chromosome, chromosome-level genome assembly, Characiformes, Anostomidae

## 1. Introdução Geral

A demanda global por proteínas derivadas de pescado tem aumentado, principalmente devido ao crescimento da população e preferência por alimentos saudáveis (BACHER, 2015). A aquicultura é uma das fontes de proteínas mais sustentáveis para humanos e, nas últimas décadas, foi o setor da pecuária que mais se expandiu (YUE; WANG, 2016). Devido a estagnação e insustentabilidade da pesca predatória (FAO, 2018), a aquicultura será responsável por suprir a maior parte do aumento na demanda por pescado, de maneira correta e sustentável (BACHER, 2015).

O Brasil apresenta um grande potencial para a produção de organismos aquáticos; tem uma das maiores bacias hidrográficas do mundo, contém aproximadamente 12% de toda superfície de água doce do planeta e mais de 4 milhões de hectares de barragens artificiais e reservatórios (ROCHA et al., 2013). Além disso, o país apresenta uma extensa zona costeira de 8.700 km, temperaturas altas na maior parte ano e alta diversidade de espécies com potencial para melhoramento genético (ROCHA et al., 2013). Aproximadamente 40 espécies nativas são utilizadas para aquicultura (GODINHO; KYNARD; MARTINEZ, 2007), entretanto, a maioria dos cultivos é realizada com espécies exóticas.

Em 2020, a produção do Brasil de peixes cultivados foi de 802.903 toneladas, e desta, 60% foi referente à produção de tilápia (PEIXE BR, 2020). Devido à ausência de pacote tecnológico para as espécies nativas, seu cultivo ainda não é aderido pelos produtores, que preferem produzir espécies já melhoradas geneticamente e que dispõe de protocolos de manejo, reprodução e nutrição bem definidos (SIDONIO *et al.*, 2012). Este panorama revela a carência por projetos que disponibilizem recursos genéticos para a produção de espécies nativas do Brasil.

O sequenciamento do genoma é uma ferramenta essencial para abordar questões importantes na aquicultura, que são críticas para uma aquicultura sustentável e lucrativa (YUE;

WANG, 2016). Em muitas espécies, o sequenciamento do genoma tem sido utilizado para montagem de genoma de referência de qualidade que serve como base para aplicação de outras técnicas como seleção genômica, estudos de associação genômica ampla (GWAS) e identificação de loci de caráter quantitativo (QTL) com eficiência (YOU; SHAN; SHI, 2020). Devido ao panorama brasileiro de subaproveitamento das espécies nativas, é fundamental que se iniciem esforços para produzir recursos genômicos das nossas espécies. Junto com desenvolvimento de técnicas de reprodução mais eficientes, o melhoramento genético é um dos pilares para alavancar o desenvolvimento de pacote tecnológico das espécies nativas e assim alavancar sua produção.

#### **8.4.15 References**

ALBERT, J. S.; TAGLIACOLLO, V. A.; DAGOSTA, F. Diversification of Neotropical Freshwater Fishes. 2020.

APARICIO, S.; CHAPMAN, J.; STUPKA, E.; PUTNAM, N.; CHIA, J. ming; DEHAL, P.; CHRISTOFFELS, A.; RASH, S.; HOON, S.; SMIT, A.; SOLLEWIJN GELPKE, M. D.; ROACH, J.; OH, T.; HO, I. Y.; WONG, M.; DETTER, C.; VERHOEF, F.; PREDKI, P.; TAY, A.; LUCAS, S.; RICHARDSON, P.; SMITH, S. F.; CLARK, M. S.; EDWARDS, Y. J. K.; DOGGETT, N.; ZHARKIKH, A.; TAVTIGIAN, S. V.; PRUSS, D.; BARNSTEAD, M.; EVANS, C.; BADEN, H.; POWELL, J.; GLUSMAN, G.; ROWEN, L.; HOOD, L.; TAN, Y. H.; ELGAR, G.; HAWKINS, T.; VENKATESH, B.; ROKHSAR, D.; BRENNER, S. Whole-genome shotgun assembly and analysis of the genome of *Fugu rubripes*. **Science**, v. 297, n. 5585, p. 1301–1310, 23 ago. 2002.

BACHER, K. Perceptions and misconceptions of aquaculture: a global overview. **GLOBEFISH Research Programme**, v. 120, 2015.

BATEMAN, A.; MARTIN, M. J.; ORCHARD, S.; MAGRANE, M.; AGIVETOVA, R.; AHMAD, S.; ALPI, E.; BOWLER-BARNETT, E. H.; BRITTO, R.; BURSTEINAS, B.; BYE-A-JEE, H.; COETZEE, R.; CUKURA, A.; SILVA, A. da; DENNY, P.; DOGAN, T.; EBENEZER, T. G.; FAN, J.; CASTRO, L. G.; GARMIRI, P.; GEORGHIOU, G.; GONZALES, L.; HATTON-ELLIS, E.; HUSSEIN, A.; IGNATCHENKO, A.; INSANA, G.; ISHTIAQ, R.; JOKINEN, P.; JOSHI, V.; JYOTHI, D.; LOCK, A.; LOPEZ, R.; LUCIANI, A.; LUO, J.; LUSSI, Y.; MACDOUGALL, A.; MADEIRA, F.; MAHMOUDY, M.; MENCHI, M.; MISHRA, A.; MOULANG, K.; NIGHTINGALE, A.; OLIVEIRA, C. S.; PUNDIR, S.; QI, G.; RAJ, S.; RICE, D.; LOPEZ, M. R.; SAIDI, R.; SAMPSON, J.; SAWFORD, T.; SPERETTA, E.; TURNER, E.; TYAGI, N.; VASUDEV, P.; VOLYNKIN, V.; WARNER, K.; WATKINS, X.; ZARU, R.; ZELLNER, H.; BRIDGE, A.; POUX, S.; REDASCHI, N.; AIMO, L.; ARGOUD-PUY, G.; AUCHINCLOSS, A.; AXELSEN, K.; BANSAL, P.; BARATIN, D.; BLATTER, M. C.; BOLLEMAN, J.; BOUTET, E.; BREUZA, L.; CASALS-CASAS, C.; DE CASTRO, E.; ECHIOUKH, K. C.; COUDERT, E.; CUCHE, B.; DOCHE, M.; DORNEVIL, D.; ESTREICHER, A.; FAMIGLIETTI, M. L.; FEUERMANN, M.; GASTEIGER, E.; GEHANT, S.; GERRITSEN, V.; GOS, A.; GRUAZ-GUMOWSKI, N.; HINZ, U.; HULO, C.; HYKA-NOUSPIKEL, N.; JUNGO, F.; KELLER, G.; KERHORNOU, A.; LARA, V.; LE MERCIER, P.; LIEBERHERR, D.; LOMBARDOT, T.; MARTIN, X.; MASSON, P.; MORGAT, A.; NETO, T. B.; PAESANO, S.; PEDRUZZI, I.; PILBOUT, S.; POURCEL, L.; POZZATO, M.; PRUESS, M.; RIVOIRE, C.; SIGRIST, C.; SONESSON, K.; STUTZ, A.; SUNDARAM, S.; TOGNOLLI, M.; VERBREGUE, L.; WU, C. H.; ARIGHI, C. N.; ARMINSKI, L.; CHEN, C.; CHEN, Y.; GARAVELLI, J. S.; HUANG, H.; LAIHO, K.; MCGARVEY, P.; NATALE, D. A.; ROSS, K.; VINAYAKA, C. R.; WANG, Q.; WANG, Y.; YEH, L. S.; ZHANG, J. UniProt: the universal protein knowledgebase in 2021. **Nucleic Acids Research**, v. 49, n. D1, p. D480–D489, 8 jan. 2021a. Disponível em: <<https://academic.oup.com/nar/article/49/D1/D480/6006196>>. Acesso em: 14 fev. 2022.

BATEMAN, A.; MARTIN, M. J.; ORCHARD, S.; MAGRANE, M.; AGIVETOVA, R.; AHMAD, S.; ALPI, E.; BOWLER-BARNETT, E. H.; BRITTO, R.; BURSTEINAS, B.; BYE-A-JEE, H.; COETZEE, R.; CUKURA, A.; SILVA, A. Da; DENNY, P.; DOGAN, T.; EBENEZER, T. G.; FAN, J.; CASTRO, L. G.; GARMIRI, P.; GEORGHIOU, G.; GONZALES, L.; HATTON-

ELLIS, E.; HUSSEIN, A.; IGNATCHENKO, A.; INSANA, G.; ISHTIAQ, R.; JOKINEN, P.; JOSHI, V.; JYOTHI, D.; LOCK, A.; LOPEZ, R.; LUCIANI, A.; LUO, J.; LUSSI, Y.; MACDOUGALL, A.; MADEIRA, F.; MAHMOUDY, M.; MENCHI, M.; MISHRA, A.; MOULANG, K.; NIGHTINGALE, A.; OLIVEIRA, C. S.; PUNDIR, S.; QI, G.; RAJ, S.; RICE, D.; LOPEZ, M. R.; SAIDI, R.; SAMPSON, J.; SAWFORD, T.; SPERETTA, E.; TURNER, E.; TYAGI, N.; VASUDEV, P.; VOLYNKIN, V.; WARNER, K.; WATKINS, X.; ZARU, R.; ZELLNER, H.; BRIDGE, A.; POUX, S.; REDASCHI, N.; AIMO, L.; ARGOUD-PUY, G.; AUCHINCLOSS, A.; AXELSEN, K.; BANSAL, P.; BARATIN, D.; BLATTER, M. C.; BOLLEMAN, J.; BOUTET, E.; BREUZA, L.; CASALS-CASAS, C.; DE CASTRO, E.; ECHIOUKH, K. C.; COUDERT, E.; CUCHE, B.; DOCHE, M.; DORNEVIL, D.; ESTREICHER, A.; FAMIGLIETTI, M. L.; FEUERMAN, M.; GASTEIGER, E.; GEHANT, S.; GERRITSEN, V.; GOS, A.; GRUAZ-GUMOWSKI, N.; HINZ, U.; HULO, C.; HYKA-NOUSPIKEL, N.; JUNGO, F.; KELLER, G.; KERHORNOU, A.; LARA, V.; LE MERCIER, P.; LIEBERHERR, D.; LOMBARDOT, T.; MARTIN, X.; MASSON, P.; MORGAT, A.; NETO, T. B.; PAESANO, S.; PEDRUZZI, I.; PILBOUT, S.; POURCEL, L.; POZZATO, M.; PRUESS, M.; RIVOIRE, C.; SIGRIST, C.; SONESSON, K.; STUTZ, A.; SUNDARAM, S.; TOGNOLLI, M.; VERBREGUE, L.; WU, C. H.; ARIGHI, C. N.; ARMINSKI, L.; CHEN, C.; CHEN, Y.; GARAVELLI, J. S.; HUANG, H.; LAIHO, K.; MCGARVEY, P.; NATALE, D. A.; ROSS, K.; VINAYAKA, C. R.; WANG, Q.; WANG, Y.; YEH, L. S.; ZHANG, J. UniProt: the universal protein knowledgebase in 2021. **Nucleic Acids Research**, v. 49, n. D1, p. D480–D489, 8 jan. 2021b.

BELLOTT, D. W.; SKALETISKY, H.; CHO, T.-J.; BROWN, L.; LOCKE, D.; CHEN, N.; GALKINA, S.; PYNTIKOVA, T.; KOUTSEVA, N.; GRAVES, T.; KREMITZKI, C.; WARREN, W. C.; CLARK, A. G.; GAGINSKAYA, E.; WILSON, R. K.; DAVID, &. Avian W and mammalian Y chromosomes convergently retained dosage-sensitive regulators. **Nature Publishing Group**, v. 49, 2017.

BELTON, J.-M.; MCCORD, R. P.; GIBCUS, J. H.; NAUMOVA, N.; ZHAN, Y.; DEKKER, J. Hi-C: A comprehensive technique to capture the conformation of genomes. 2012.

BERTOLLO, L. A. C.; MOREIRA-FILHO, O.; GALETTI, P. M. Cytogenetics and taxonomy: considerations based on chromosome studies of freshwater fish. **Journal of Fish Biology**, v. 28, n. 2, p. 153–159, 1986.

BOLGER, A. M.; LOHSE, M.; USADEL, B. Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data. **Bioinformatics**, v. 30, n. 15, p. 2114–2120, 1 ago. 2014.

BOUZA, C.; HERMIDA, M.; PARDO, B. G.; FERNÁNDEZ, C.; FORTES, G. G.; CASTRO, J.; SÁNCHEZ, L.; PRESA, P.; PÉREZ, M.; SANJUÁN, A.; DE CARLOS, A.; ÁLVAREZ-DIOS, J. A.; EZCURRA, S.; CAL, R. M.; PIFERRER, F.; MARTÍNEZ, P. A microsatellite genetic map of the turbot (*Scophthalmus maximus*). **Genetics**, v. 177, n. 4, 2007.

BRAY, N. L.; PIMENTEL, H.; MELSTED, P.; PACHTER, L. Near-optimal probabilistic RNA-seq quantification. **Nature Biotechnology** 2016 34:5, v. 34, n. 5, p. 525–527, 4 abr. 2016.

BRŮNA, T.; HOFF, K. J.; LOMSADZE, A.; STANKE, M.; BORODOVSKY, M. BRAKER2: automatic eukaryotic genome annotation with GeneMark-EP+ and AUGUSTUS supported by a protein database. **NAR Genomics and Bioinformatics**, v. 3, n. 1, p. 1–11, 6 jan. 2021a. Disponível em: <<https://academic.oup.com/nargab/article/3/1/lqaa108/6066535>>. Acesso em: 14 fev. 2022.

BRŮNA, T.; HOFF, K. J.; LOMSADZE, A.; STANKE, M.; BORODOVSKY, M. BRAKER2: automatic eukaryotic genome annotation with GeneMark-EP+ and AUGUSTUS supported by a protein database. **NAR Genomics and Bioinformatics**, v. 3, n. 1, p. 1–11, 6 jan. 2021b.

BURTON, D. R.; WALKER, L. M.; PHOGAT, S. K.; CHAN-HUI, P. Y.; WAGNER, D.; PHUNG, P.; GOSS, J. L.; WRIN, T.; SIMEK, M. D.; FLING, S.; MITCHAM, J. L.; LEHRMAN, J. K.; PRIDDY, F. H.; OLSEN, O. A.; FREY, S. M.; HAMMOND, P. W.; PROTOCOL, G.; KAMINSKY, S.; ZAMB, T.; MOYLE, M.; KOFF, W. C.; POIGNARD, P. Broad and potent neutralizing antibodies from an african donor reveal a new HIV-1 vaccine target. **Science**, v. 326, n. 5950, p. 285–289, 2009. Disponível em: <[www.sciencemag.org/cgi/content/full/1178746/DC1](http://www.sciencemag.org/cgi/content/full/1178746/DC1)>.

CAPELLA-GUTIÉRREZ, S.; SILLA-MARTÍNEZ, J. M.; GABALDÓN, T. trimAl: a tool for automated alignment trimming in large-scale phylogenetic analyses. **BIOINFORMATICS APPLICATIONS NOTE**, v. 25, n. 15, p. 1972–1973, 2009.

CASTAÑO-SÁNCHEZ, C.; FUJI, K.; OZAKI, A.; HASEGAWA, O.; SAKAMOTO, T.; MORISHIMA, K.; NAKAYAMA, I.; FUJIWARA, A.; MASAOKA, T.; OKAMOTO, H.; HAYASHIDA, K.; TAGAMI, M.; KAWAI, J.; HAYASHIZAKI, Y.; OKAMOTO, N. A second generation genetic linkage map of Japanese flounder (*Paralichthys olivaceus*). **BMC Genomics**, v. 11, n. 1, 2010.

CATCHEN, J.; AMORES, A.; BASSHAM, S. Chromonomer: A tool set for repairing and enhancing assembled genomes through integration of genetic maps and conserved synteny. **G3: Genes, Genomes, Genetics**, v. 10, n. 11, 2020.

CATCHEN, J.; HOHENLOHE, P. A.; BASSHAM, S.; AMORES, A.; CRESKO, W. A. Stacks: An analysis tool set for population genomics. **Molecular Ecology**, v. 22, n. 11, p. 3124–3140, 2013.

CATCHEN, J. M.; AMORES, A.; HOHENLOHE, P.; CRESKO, W.; POSTLETHWAIT, J. H. Stacks: Building and genotyping loci de novo from short-read sequences. **G3: Genes, Genomes, Genetics**, v. 1, n. 3, p. 171–182, 2011.

CHALOPIN, D.; NAVILLE, M.; PLARD, F.; GALIANA, D.; VOLFF, J.-N. Comparative Analysis of Transposable Elements Highlights Mobilome Diversity and Evolution in Vertebrates. [s.d.]

CHARLESWORTH, B. **The Evoluton of Sex Chromosomes Downloaded from**. [s.l: s.n.].

CHARLESWORTH, B. **The Evoluton of Sex Chromosomes Downloaded from**. [s.l: s.n.].

CHARLESWORTH, D. **Young sex chromosomes in plants and animals**New Phytologist2019a.

CHARLESWORTH, D. **Young sex chromosomes in plants and animals***New Phytologist*2019b.

CHARLESWORTH, D. The timing of genetic degeneration of sex chromosomes. 2021c.

CHARLESWORTH, D. The timing of genetic degeneration of sex chromosomes. 2021d.

CHARLESWORTH, D.; CHARLESWORTH, B.; MARAIS, G. Steps in the evolution of heteromorphic sex chromosomes. **Heredity** **2005** **95**:2, v. 95, n. 2, p. 118–128, 25 maio 2005.

CHEN, S.; ZHANG, G.; SHAO, C.; HUANG, Q.; LIU, G.; ZHANG, P.; SONG, W.; AN, N.; CHALOPIN, D.; VOLFF, J. N.; HONG, Y.; LI, Q.; SHA, Z.; ZHOU, H.; XIE, M.; YU, Q.; LIU, Y.; XIANG, H.; WANG, N.; WU, K.; YANG, C.; ZHOU, Q.; LIAO, X.; YANG, L.; HU, Q.; ZHANG, J.; MENG, L.; JIN, L.; TIAN, Y.; LIAN, J.; YANG, J.; MIAO, G.; LIU, S.; LIANG, Z.; YAN, F.; LI, Y.; SUN, B.; ZHANG, H.; ZHANG, J.; ZHU, Y.; DU, M.; ZHAO, Y.; SCHATTL, M.; TANG, Q.; WANG, J. Whole-genome sequence of a flatfish provides insights into ZW sex chromosome evolution and adaptation to a benthic lifestyle. **Nature Genetics**, v. 46, n. 3, p. 253–260, 2014.

CHIN, C. S.; PELUSO, P.; SEDLAZECK, F. J.; NATTESTAD, M.; CONCEPCION, G. T.; CLUM, A.; DUNN, C.; O'MALLEY, R.; FIGUEROA-BALDERAS, R.; MORALES-CRUZ, A.; CRAMER, G. R.; DELLEDONNE, M.; LUO, C.; ECKER, J. R.; CANTU, D.; RANK, D. R.; SCHATZ, M. C. Phased diploid genome assembly with single-molecule real-time sequencing. **Nature Methods**, v. 13, n. 12, p. 1050–1054, 2016.

CONTE, M. A.; CLARK, F. E.; ROBERTS, R. B.; XU, L.; TAO, W.; ZHOU, Q.; WANG, D.; KOCHER, T. D. Origin of a Giant Sex Chromosome. **Molecular biology and evolution**, v. 38, n. 4, p. 1554–1569, 2021.

CORNELIO, D.; CASTRO, J. P.; SANTOS, M. H.; VICARI, M. R.; DE ALMEIDA, M. C.; MOREIRA-FILHO, O.; CAMACHO, J. P. M.; ARTONI, R. F. Hermaphroditism can compensate for the sex ratio in the *Astyanax scabripinnis* species complex (Teleostei: Characidae): expanding the B chromosome study model. **Reviews in Fish Biology and Fisheries**, v. 27, n. 3, p. 681–689, 1 set. 2017. Disponível em: <<https://link.springer.com/article/10.1007/s11160-017-9488-8>>. Acesso em: 8 mar. 2022.

DE LA SERRANA, D. G.; MACQUEEN, D. J. **Insulin-like growth factor-binding proteins of teleost fishes***Frontiers in Endocrinology*2018a.

DE LA SERRANA, D. G.; MACQUEEN, D. J. **Insulin-like growth factor-binding proteins of teleost fishes***Frontiers in Endocrinology*2018b.

DE LOS RÍOS-PÉREZ, L.; NGUINKAL, J. A.; VERLEIH, M.; REBL, A.; BRUNNER, R. M.; KLOSA, J.; SCHÄFER, N.; STÜEKEN, M.; GOLDAMMER, T.; WITTENBURG, D. An ultra-high density SNP-based linkage map for enhancing the pikeperch (*Sander lucioperca*) genome assembly to chromosome-scale. **Scientific Reports**, v. 10, n. 1, 2020.

DOMINGUES, R. R.; MASTROCHIRICO-FILHO, V. A.; MENDES, N. J.; HASHIMOTO, D. T.; COELHO, R.; DA CRUZ, V. P.; ANTUNES, A.; FORESTI, F.; MENDONÇA, F. F.

Comparative eye and liver differentially expressed genes reveal monochromatic vision and cancer resistance in the shortfin mako shark (*Isurus oxyrinchus*). **Genomics**, v. 112, n. 6, 2020.

DU, X.; HONG, X.; FAN, G.; HUANG, X.; SUN, S.; BINGJIE, O.; ZHANG, H.; ZHANG, M.; LIU, S.; LIU, X.; ZHANG, W. Chromosome-level genome assembly of the African pike, *Hepsetus odoe*. **bioRxiv**, p. 2020.05.13.094987, 14 maio 2020.

DUDCHENKO, O.; BATRA, S. S.; OMER, A. D.; NYQUIST, S. K.; HOEGER, M.; DURAND, N. C.; SHAMIM, M. S.; MACHOL, I.; LANDER, E. S.; AIDEN, A. P.; AIDEN, E. L. De novo assembly of the *Aedes aegypti* genome using Hi-C yields chromosome-length scaffolds. **Science**, v. 356, n. 6333, p. 92–95, 2017.

DURAND, N. C.; SHAMIM, M. S.; MACHOL, I.; RAO, S. S. P.; HUNTLEY, M. H.; LANDER, E. S.; AIDEN, E. L. Juicer Provides a One-Click System for Analyzing Loop-Resolution Hi-C Experiments. **Cell Systems**, v. 3, n. 1, 2016.

EID, J.; FEHR, A.; GRAY, J.; LUONG, K.; LYLE, J.; OTTO, G.; PELUSO, P.; RANK, D.; BAYBAYAN, P.; BETTMAN, B.; BIBILLO, A.; BJORNSEN, K.; CHAUDHURI, B.; CHRISTIANS, F.; CICERO, R.; CLARK, S.; DALAL, R.; DEWINTER, A.; DIXON, J.; FOQUET, M.; GAERTNER, A.; HARDENBOL, P.; HEINER, C.; HESTER, K.; HOLDEN, D.; KEARNS, G.; KONG, X.; KUSE, R.; LACROIX, Y.; LIN, S.; LUNDQUIST, P.; MA, C.; MARKS, P.; MAXHAM, M.; MURPHY, D.; PARK, I.; PHAM, T.; PHILLIPS, M.; ROY, J.; SEBRA, R.; SHEN, G.; SORENSON, J.; TOMANEY, A.; TRAVERS, K.; TRULSON, M.; VIECELI, J.; WEGENER, J.; WU, D.; YANG, A.; ZACCARIN, D.; ZHAO, P.; ZHONG, F.; KORLACH, J.; TURNER, S. Real-Time DNA Sequencing from Single Polymerase Molecules. **Science**, v. 323, n. 5910, p. 133–138, 2 jan. 2009a.

EID, J.; FEHR, A.; GRAY, J.; LUONG, K.; LYLE, J.; OTTO, G.; PELUSO, P.; RANK, D.; BAYBAYAN, P.; BETTMAN, B.; BIBILLO, A.; BJORNSEN, K.; CHAUDHURI, B.; CHRISTIANS, F.; CICERO, R.; CLARK, S.; DALAL, R.; DEWINTER, A.; DIXON, J.; FOQUET, M.; GAERTNER, A.; HARDENBOL, P.; HEINER, C.; HESTER, K.; HOLDEN, D.; KEARNS, G.; KONG, X.; KUSE, R.; LACROIX, Y.; LIN, S.; LUNDQUIST, P.; MA, C.; MARKS, P.; MAXHAM, M.; MURPHY, D.; PARK, I.; PHAM, T.; PHILLIPS, M.; ROY, J.; SEBRA, R.; SHEN, G.; SORENSON, J.; TOMANEY, A.; TRAVERS, K.; TRULSON, M.; VIECELI, J.; WEGENER, J.; WU, D.; YANG, A.; ZACCARIN, D.; ZHAO, P.; ZHONG, F.; KORLACH, J.; TURNER, S. Real-Time DNA Sequencing from Single Polymerase Molecules. **Science**, v. 323, n. 5910, p. 133–138, 2 jan. 2009b.

EMMS, D. M.; KELLY, S. OrthoFinder: Phylogenetic orthology inference for comparative genomics. **Genome Biology**, v. 20, n. 1, p. 1–14, 14 nov. 2019.

FAO. **The state of world fisheries and aquaculture 2018- Meeting the sustainable development goals**. Rome. [s.l.: s.n.]v. 35

FLYNN, J. M.; HUBLEY, R.; GOUBERT, C.; ROSEN, J.; CLARK, A. G.; FESCHOTTE, C.; SMIT, A. F. RepeatModeler2 for automated genomic discovery of transposable element families. **PNAS**, v. 117, n. 17, p. 9451–9457, 2020.

FORESTI, F.; TOLEDO, L. F. A.; TOLEDO, S. A. Polymorphic nature of nucleolus organizer regions in fishes. **Cytogenetic and Genome Research**, v. 31, n. 3, 1981.

GABRIEL, L.; HOFF, K. J.; BRÛNA, T.; BORODOVSKY, M.; STANKE, M. TSEBRA: transcript selector for BRAKER. **BMC Bioinformatics**, v. 22, n. 1, p. 1–12, 1 dez. 2021a.

GABRIEL, L.; HOFF, K. J.; BRÛNA, T.; BORODOVSKY, M.; STANKE, M. TSEBRA: transcript selector for BRAKER. **BMC Bioinformatics**, v. 22, n. 1, p. 1–12, 1 dez. 2021b.

GALETTI, JR., P. M.; FORESTI, F.; BERTQLO, L. A. C.; FILHO, M. Heteromorphic sex chromosomes in three species of the genus *Leporinus* (Pisces, Anostomidae). **Cytogenetic and Genome Research**, v. 29, n. 3, p. 138–142, 7 maio 1981. Disponível em: <<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/7226896/>>. Acesso em: 18 ago. 2021.

GAO, B.; SHEN, D.; XUE, S.; CHEN, C.; CUI, H.; SONG, C. The contribution of transposable elements to size variations between four teleost genomes. **Mobile DNA**, v. 7, n. 1, 9 fev. 2016.

GLASAUER, S. M. K.; NEUHAUSS, S. C. F. **Whole-genome duplication in teleost fishes and its evolutionary consequences** *Molecular Genetics and Genomics* Mol Genet Genomics, 19 nov. 2014.

GODINHO, A. L.; KYNARD, B.; MARTINEZ, C. B. Supplemental water releases for fisheries restoration in a Brazilian floodplain River: A conceptual model. **River Research and Applications**, v. 23, n. 9, 2007.

GÖTZ, S.; GARCÍA-GÓMEZ, J. M.; TEROL, J.; WILLIAMS, T. D.; NAGARAJ, S. H.; NUEDA, M. J.; ROBLES, M.; TALÓN, M.; DOPAZO, J.; CONESA, A. High-throughput functional annotation and data mining with the Blast2GO suite. **Nucleic Acids Research**, v. 36, n. 10, p. 3420–3435, 1 jun. 2008. Disponível em: <<https://academic.oup.com/nar/article/36/10/3420/2410320>>. Acesso em: 14 fev. 2022.

GUERRERO-CÓZAR, I.; PEREZ-GARCIA, C.; BENZEKRI, H.; SÁNCHEZ, J. J.; SEOANE, P.; CRUZ, F.; GUT, M.; ZAMORANO, M. J.; CLAROS, M. G.; MANCHADO, M. Development of whole-genome multiplex assays and construction of an integrated genetic map using SSR markers in Senegalese sole. **Scientific Reports**, v. 10, n. 1, 2020.

HILSDORF, A. W. S.; ULIANO-SILVA, M.; COUTINHO, L. L.; MONTENEGRO, H.; ALMEIDA-VAL, V. M. F.; PINHAL, D. Genome assembly and annotation of the tambaqui (*Colossoma macropomum*): an emblematic fish of the Amazon River basin. **bioRxiv**, p. 2021.09.08.459456, 9 set. 2021a.

HILSDORF, A. W. S.; ULIANO-SILVA, M.; COUTINHO, L. L.; MONTENEGRO, H.; ALMEIDA-VAL, V. M. F.; PINHAL, D. Genome assembly and annotation of the tambaqui (*Colossoma macropomum*): an emblematic fish of the Amazon River basin. **bioRxiv**, p. 2021.09.08.459456, 9 set. 2021b.

HOFF, K. J.; LANGE, S.; LOMSADZE, A.; BORODOVSKY, M.; STANKE, M. BRAKER1: Unsupervised RNA-Seq-Based Genome Annotation with GeneMark-ET and AUGUSTUS.

**Bioinformatics**, v. 32, n. 5, p. 767–769, 1 mar. 2016a. Disponível em: <<https://academic.oup.com/bioinformatics/article/32/5/767/1744611>>. Acesso em: 3 out. 2021.

HOFF, K. J.; LANGE, S.; LOMSADZE, A.; BORODOVSKY, M.; STANKE, M. BRAKER1: Unsupervised RNA-Seq-Based Genome Annotation with GeneMark-ET and AUGUSTUS. **Bioinformatics**, v. 32, n. 5, p. 767–769, 1 mar. 2016b.

HOFF, K. J.; LOMSADZE, A.; BORODOVSKY, M.; STANKE, M. Whole-Genome Annotation with BRAKER. **Methods in Molecular Biology**, v. 1962, p. 65–95, 2019. Disponível em: <[https://link.springer.com/protocol/10.1007/978-1-4939-9173-0\\_5](https://link.springer.com/protocol/10.1007/978-1-4939-9173-0_5)>. Acesso em: 14 fev. 2022.

HOWE, K. L.; ACHUTHAN, P.; ALLEN, J.; ALLEN, J.; ALVAREZ-JARRETA, J.; RIDWAN AMODE, M.; ARMEAN, I. M.; AZOV, A. G.; BENNETT, R.; BHAI, J.; BILLIS, K.; BODDU, S.; CHARKHCHI, M.; CUMMINS, C.; DA RIN FIORETTO, L.; DAVIDSON, C.; DODIYA, K.; EL HOUDAIGUI, B.; FATIMA, R.; GALL, A.; GIRON, C. G.; GREGO, T.; GUIJARRO-CLARKE, C.; HAGGERTY, L.; HEMROM, A.; HOURLIER, T.; IZUOGU, O. G.; JUETTEMANN, T.; KAIKALA, V.; KAY, M.; LAVIDAS, I.; LE, T.; LEMOS, D.; MARTINEZ, J. G.; MARUGÁN, J. C.; MAUREL, T.; MCMAHON, A. C.; MOHANAN, S.; MOORE, B.; MUFFATO, M.; OHEH, D. N.; PARASCHAS, D.; PARKER, A.; PARTON, A.; PROSOVETSKAIA, I.; SAKTHIVEL, M. P.; ABDUL SALAM, A. I.; SCHMITT, B. M.; SCHUILENBURG, H.; SHEPPARD, D.; STEED, E.; SZPAK, M.; SZUBA, M.; TAYLOR, K.; THORMANN, A.; THREADGOLD, G.; WALTS, B.; WINTERBOTTOM, A.; CHAKIACHVILI, M.; CHAUBAL, A.; DE SILVA, N.; FLINT, B.; FRANKISH, A.; HUNT, S. E.; IISLEY, G. R.; LANGRIDGE, N.; LOVELAND, J. E.; MARTIN, F. J.; MUDGE, J. M.; MORALES, J.; PERRY, E.; RUFFIER, M.; TATE, J.; THYBERT, D.; TREVANION, S. J.; CUNNINGHAM, F.; YATES, A. D.; ZERBINO, D. R.; FLICEK, P. Ensembl 2021. **Nucleic Acids Research**, v. 49, n. D1, p. D884–D891, 8 jan. 2021.

HUGHES, L. C.; ORTÍ, G.; HUANG, Y.; SUN, Y.; BALDWIN, C. C.; THOMPSON, A. W.; ARCILA, D.; BETANCUR, R.; LI, C.; BECKER, L.; BELLORA, N.; ZHAO, X.; LI, X.; WANG, M.; FANG, C.; XIE, B.; ZHOU, Z.; HUANG, H.; CHEN, S.; VENKATESH, B.; SHI, Q. Comprehensive phylogeny of ray-finned fishes (Actinopterygii) based on transcriptomic and genomic data. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 115, n. 24, p. 6249–6254, 12 jun. 2018.

IMARAZENE, B.; DU, K.; BEILLE, S.; JOUANNO, E.; FERON, R.; PAN, Q.; TORRES-PAZ, J.; LOPEZ-ROQUES, C.; CASTINEL, A.; GIL, L.; KUCHLY, C.; DONNADIEU, C.; PARRINELLO, H.; JOURNOT, L.; CABAU, C.; ZAHM, M.; KLOPP, C.; PAVLICA, T.; AL-RIKABI, A.; LIEHR, T.; SIMANOVSKY, S. A.; BOHLEN, J.; SEMBER, A.; PEREZ, J.; VEYRUNES, F.; MUELLER, T. D.; POSTLETHWAIT, J. H.; SCHARTL, M.; HERPIN, A.; RÉTAUX, S.; GUIGUEN, Y. A supernumerary “B-sex” chromosome drives male sex determination in the Pachón cavefish, *Astyanax mexicanus*. **Current Biology**, v. 31, n. 21, p. 4800–4809.e9, 8 nov. 2021. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.cub.2021.08.030>>. Acesso em: 4 maio. 2022.

KARNOVSKY, M. J. A formaldehyde-glutaraldehyde fixative of high osmolality for use in electron microscopy. **Journal cell biology**, v. 27, p. 137–138, 1985. Disponível em: <<https://www.researchgate.net/publication/244955881>>. Acesso em: 28 fev. 2022.

KATOH, K.; STANDLEY, D. M. MAFFT Multiple Sequence Alignment Software Version 7: Improvements in Performance and Usability. **Molecular Biology and Evolution**, v. 30, n. 4, p. 772–780, 1 abr. 2013.

KRATOCHVÍL, L.; GAMBLE, T.; ROVATSOS, M. Sex chromosome evolution among amniotes: Is the origin of sex chromosomes non-random? **Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences**, v. 376, n. 1833, 13 set. 2021. . Acesso em: 26 abr. 2022.

LAHN, B. T.; PAGE, D. C. Four evolutionary strata on the human X chromosome. **Science**, v. 286, n. 5441, 1999.

LI, H.; DURBIN, R. Fast and accurate long-read alignment with Burrows-Wheeler transform. **Bioinformatics**, v. 26, n. 5, p. 589–595, 15 jan. 2010.

LI, H.; HANDSAKER, B.; WYSOKER, A.; FENNELL, T.; RUAN, J.; HOMER, N.; MARTH, G.; ABECASIS, G.; DURBIN, R. The Sequence Alignment/Map format and SAMtools. **Bioinformatics**, 2009a.

LI, H.; HANDSAKER, B.; WYSOKER, A.; FENNELL, T.; RUAN, J.; HOMER, N.; MARTH, G.; ABECASIS, G.; DURBIN, R. The Sequence Alignment/Map format and SAMtools. **Bioinformatics**, 2009b.

LI, M.; ZHANG, R.; FAN, G.; XU, W.; ZHOU, Q.; WANG, L.; LI, W.; PANG, Z.; YU, M.; LIU, Q.; LIU, X.; SCHARTL, M.; CHEN, S. Reconstruction of the Origin of a Neo-Y Sex Chromosome and Its Evolution in the Spotted Knifejaw, *Oplegnathus punctatus*. **Molecular biology and evolution**, v. 38, n. 6, p. 2615–2626, 19 maio 2021. Disponível em: <<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33693787/>>. Acesso em: 22 set. 2021.

LINKHART, T. A.; MOHAN, S.; BAYLINK, D. J. Growth factors for bone growth and repair: IGF, TGF $\beta$  and BMP. In: Bone, 1 SUPPL., 1996, [...]. 1996. v. 19

LIU, J.; WANG, Z.; LI, J.; XU, L.; LIU, J.; FENG, S.; GUO, C.; CHEN, S.; REN, Z.; RAO, J.; WEI, K.; CHEN, Y.; JARVIS, E. D.; ZHANG, G.; ZHOU, Q. A new emu genome illuminates the evolution of genome configuration and nuclear architecture of avian chromosomes. **Genome Research**, 2021.

LOGSDON, G. A.; VOLLGER, M. R.; EICHLER, E. E. Long-read human genome sequencing and its applications. **Nature Reviews Genetics** 2020 21:10, v. 21, n. 10, p. 597–614, 5 jun. 2020a. Disponível em: <<https://www.nature.com/articles/s41576-020-0236-x>>. Acesso em: 23 ago. 2021.

LOGSDON, G. A.; VOLLGER, M. R.; EICHLER, E. E. Long-read human genome sequencing and its applications. **Nature Reviews Genetics** 2020 21:10, v. 21, n. 10, p. 597–614, 5 jun. 2020b.

LOVE, M. I.; HUBER, W.; ANDERS, S. Moderated estimation of fold change and dispersion for RNA-seq data with DESeq2. **Genome Biology**, v. 15, n. 12, p. 1–21, 5 dez. 2014.

MANNI, M.; BERKELEY, M. R.; SEPPEY, M.; SIMÃO, F. A.; ZDOBNOV, E. M. BUSCO Update: Novel and Streamlined Workflows along with Broader and Deeper Phylogenetic Coverage for Scoring of Eukaryotic, Prokaryotic, and Viral Genomes. **Molecular Biology and Evolution**, 28 jul. 2021a. Disponível em: <<https://academic.oup.com/mbe/advance-article/doi/10.1093/molbev/msab199/6329644>>. Acesso em: 16 ago. 2021.

MANNI, M.; BERKELEY, M. R.; SEPPEY, M.; SIMÃO, F. A.; ZDOBNOV, E. M. BUSCO Update: Novel and Streamlined Workflows along with Broader and Deeper Phylogenetic Coverage for Scoring of Eukaryotic, Prokaryotic, and Viral Genomes. **Molecular Biology and Evolution**, 28 jul. 2021b.

MARÇAIS, G.; KINGSFORD, C. A fast, lock-free approach for efficient parallel counting of occurrences of k-mers. **Bioinformatics**, v. 27, n. 6, p. 764–770, 15 mar. 2011.

MELO, B. F.; SIDLAUSKAS, B. L.; NEAR, T. J.; ROXO, F. F.; GHEZELAYAGH, A.; OCHOA, L. E.; STIASSNY, M. L. J.; ARROYAVE, J.; CHANG, J.; FAIRCLOTH, B. C.; MACGUIGAN, D. J.; HARRINGTON, R. C.; BENINE, R. C.; BURNS, M. D.; HOEKZEMA, K.; SANCHES, N. C.; MALDONADO-OCAMPO, J. A.; CASTRO, R. M. C.; FORESTI, F.; ALFARO, M. E.; OLIVEIRA, C. Accelerated Diversification Explains the Exceptional Species Richness of Tropical Characoid Fishes. **Systematic Biology**, v. 0, n. 0, p. 1–15, 7 jun. 2021a.

MELO, B. F.; SIDLAUSKAS, B. L.; NEAR, T. J.; ROXO, F. F.; GHEZELAYAGH, A.; OCHOA, L. E.; STIASSNY, M. L. J.; ARROYAVE, J.; CHANG, J.; FAIRCLOTH, B. C.; MACGUIGAN, D. J.; HARRINGTON, R. C.; BENINE, R. C.; BURNS, M. D.; HOEKZEMA, K.; SANCHES, N. C.; MALDONADO-OCAMPO, J. A.; CASTRO, R. M. C.; FORESTI, F.; ALFARO, M. E.; OLIVEIRA, C. Accelerated Diversification Explains the Exceptional Species Richness of Tropical Characoid Fishes. **Systematic Biology**, v. 0, n. 0, p. 1–15, 7 jun. 2021b.

MEYER, A.; SCHLOISSNIG, S.; FRANCHINI, P.; DU, K.; WOLTERING, J. M.; IRISARRI, I.; WONG, W. Y.; NOWOSHILOW, S.; KNEITZ, S.; KAWAGUCHI, A.; FABRIZIUS, A.; XIONG, P.; DECHAUD, C.; SPAINK, H. P.; VOLFF, J.-N.; SIMAKOV, O.; BURMESTER, T.; TANAKA, E. M.; SCHARTL, M. Giant lungfish genome elucidates the conquest of land by vertebrates. **Nature** 2021 **590:7845**, v. 590, n. 7845, p. 284–289, 18 jan. 2021.

O’LEARY, N. A.; WRIGHT, M. W.; BRISTER, J. R.; CIUFO, S.; HADDAD, D.; MCVEIGH, R.; RAJPUT, B.; ROBBERTSE, B.; SMITH-WHITE, B.; AKO-ADJEI, D.; ASTASHYN, A.; BADRETDIN, A.; BAO, Y.; BLINKOVA, O.; BROVER, V.; CHETVERNIN, V.; CHOI, J.; COX, E.; ERMOLAEVA, O.; FARRELL, C. M.; GOLDFARB, T.; GUPTA, T.; HAFT, D.; HATCHER, E.; HLAVINA, W.; JOARDAR, V. S.; KODALI, V. K.; LI, W.; MAGLOTT, D.; MASTERSON, P.; MCGARVEY, K. M.; MURPHY, M. R.; O’NEILL, K.; PUJAR, S.; RANGWALA, S. H.; RAUSCH, D.; RIDDICK, L. D.; SCHOCH, C.; SHKEDA, A.; STORZ, S. S.; SUN, H.; THIBAUD-NISSEN, F.; TOLSTOY, I.; TULLY, R. E.; VATSAN, A. R.; WALLIN, C.; WEBB, D.; WU, W.; LANDRUM, M. J.; KIMCHI, A.; TATUSOVA, T.; DICUCCIO, M.; KITTS, P.; MURPHY, T. D.; PRUITT, K. D. Reference sequence (RefSeq) database at NCBI: current status, taxonomic expansion, and functional annotation. **Nucleic acids research**, v. 44, n. D1, p. D733–D745, 2016.

- OLIVEIRA, C.; FORESTI, F.; HILSDORF, A. W. S. Genetics of neotropical fish: From chromosomes to populations. **Fish Physiology and Biochemistry**, v. 35, n. 1, p. 81–100, 2009.
- PAN, Q.; KAY, T.; DEPINCÉ, A.; ADOLFI, M.; SCHARTL, M.; GUIGUEN, Y.; HERPIN, A. Evolution of master sex determiners: TGF- $\beta$  signalling pathways at regulatory crossroads. **Philosophical Transactions of the Royal Society B**, v. 376, n. 1832, 30 ago. 2021.
- PEICHEL, C. L.; MCCANN, S. R.; ROSS, J. A.; NAFTALY, A. F. S.; URTON, J. R.; CECH, J. N.; GRIMWOOD, J.; SCHMUTZ, J.; MYERS, R. M.; KINGSLEY, D. M.; WHITE, M. A. Assembly of the threespine stickleback Y chromosome reveals convergent signatures of sex chromosome evolution. **Genome Biology** 2020 21:1, v. 21, n. 1, p. 1–31, 19 jul. 2020a. Disponível em: <<https://genomebiology.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13059-020-02097-x>>. Acesso em: 22 set. 2021.
- PEICHEL, C. L.; MCCANN, S. R.; ROSS, J. A.; NAFTALY, A. F. S.; URTON, J. R.; CECH, J. N.; GRIMWOOD, J.; SCHMUTZ, J.; MYERS, R. M.; KINGSLEY, D. M.; WHITE, M. A. Assembly of the threespine stickleback Y chromosome reveals convergent signatures of sex chromosome evolution. **Genome Biology** 2020 21:1, v. 21, n. 1, p. 1–31, 19 jul. 2020b.
- PETERSON, B. K.; WEBER, J. N.; KAY, E. H.; FISHER, H. S.; HOEKSTRA, H. E. Double digest RADseq: An inexpensive method for de novo SNP discovery and genotyping in model and non-model species. **PLoS ONE**, v. 7, n. 5, 2012.
- POLLARD, M. O.; GURDASANI, D.; MENTZER, A. J.; PORTER, T.; SANDHU, M. S. Long reads: their purpose and place. **Human Molecular Genetics**, v. 27, n. R2, p. R234–R241, 1 ago. 2018. Disponível em: <<https://academic.oup.com/hmg/article/27/R2/R234/4996216>>. Acesso em: 25 ago. 2021.
- PORTO-FORESTI, F.; HASHIMOTO, D. T.; ALVES, A. L.; ALMEIDA, R. B. C.; SENHORINI, J. A.; BORTOLOZZI, J.; FORESTI, F. Cytogenetic markers as diagnoses in the identification of the hybrid between Piauçu (*Leporinus macrocephalus*) and Piapara (*Leporinus elongatus*). **Genetics and Molecular Biology**, v. 31, n. 1 SUPPL. 1, p. 195–202, 2008.
- PRIYANKA, P. P.; YENUGU, S. **Coiled-Coil Domain-Containing (CCDC) Proteins: Functional Roles in General and Male Reproductive Physiology** Reproductive Sciences 2021.
- PURCELL, S.; NEALE, B.; TODD-BROWN, K.; THOMAS, L.; FERREIRA, M. A. R.; BENDER, D.; MALLER, J.; SKLAR, P.; DE BAKKER, P. I. W.; DALY, M. J.; SHAM, P. C. PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. **American Journal of Human Genetics**, v. 81, n. 3, p. 559–575, 2007.
- RAFATI, N.; CHEN, J.; HERPIN, A.; PETTERSSON, M. E.; HAN, F.; FENG, C.; WALLERMAN, O.; RUBIN, C.-J.; PÉRON, S.; COCCO, A.; LARSSON, M.; TRÖTSCH, C.; POETSCH, A.; KORSCHING, K.; BÖNIGK, W.; KÖRSCHEN, H. G.; BERG, F.; FOLKVORD, A.; KAUPP, U. B.; SCHARTL, M.; ANDERSSON, L. Reconstruction of the birth of a male sex chromosome present in Atlantic herring. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v.

117, n. 39, p. 24359–24368, 29 set. 2020. Disponível em: <<https://www.pnas.org/content/117/39/24359>>. Acesso em: 22 set. 2021.

RAMIREZ, J. L.; BIRINDELLI, J. L. O.; GALETTI, P. M. A new genus of Anostomidae (Ostariophysi: Characiformes): Diversity, phylogeny and biogeography based on cytogenetic, molecular and morphological data. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 107, p. 308–323, 2017. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1016/j.ympev.2016.11.012>>.

RAMOS, L.; ANTUNES, A. Decoding sex: Elucidating sex determination and how high-quality genome assemblies are untangling the evolutionary dynamics of sex chromosomes. **Genomics**, v. 114, n. 2, p. 110277, 1 mar. 2022. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2022.110277>>. Acesso em: 27 abr. 2022.

RASTAS, P. Lep-MAP3: Robust linkage mapping even for low-coverage whole genome sequencing data. **Bioinformatics**, v. 33, n. 23, p. 3726–3732, 2017.

RASTAS, P.; PAULIN, L.; HANSKI, I.; LEHTONEN, R.; AUVINEN, P.; BRUDNO, M. Lep-MAP: Fast and accurate linkage map construction for large SNP datasets. **Bioinformatics**, v. 29, n. 24, 2013.

REID, D. P.; SMITH, C. A.; ROMMENS, M.; BLANCHARD, B.; MARTIN-ROBICHAUD, D.; REITH, M. A genetic linkage map of Atlantic halibut (*Hippoglossus hippoglossus* L.). **Genetics**, v. 177, n. 2, 2007.

REYNALTE-TATAJE, D.; ZANIBONI-FILHO, E.; MUELBERT, B. Estádios do desenvolvimento embrionário do piavuçu *Leporinus macrocephalus* (Garavello & Britski, 1988). **Acta Scientiarum. Animal Sciences**, v. 23, n. 0, p. 823, 9 maio 2008. Disponível em: <<https://periodicos.uem.br/ojs/index.php/ActaSciAnimSci/article/view/2614>>. Acesso em: 26 ago. 2021.

RHIE, A.; MCCARTHY, S. A.; FEDRIGO, O.; DAMAS, J.; FORMENTI, G.; LONDON, S. E.; CLAYTON, D. F.; MELLO, C. v.; FRIEDRICH, S. R. Towards complete and error-free genome assemblies of all vertebrate species. p. 1–56, 2020a.

RHIE, A.; WALENZ, B. P.; KOREN, S.; PHILLIPPY, A. M. Merqury: Reference-free quality, completeness, and phasing assessment for genome assemblies. **Genome Biology**, v. 21, n. 1, p. 1–27, 2020b.

RHIE, A.; WALENZ, B. P.; KOREN, S.; PHILLIPPY, A. M. Merqury: Reference-free quality, completeness, and phasing assessment for genome assemblies. **Genome Biology**, v. 21, n. 1, p. 1–27, 2020c.

ROCHA, C. M. C. da; RESENDE, E. K. de; ROUTLEDGE, E. A. B.; LUNDSTEDT, L. M. Avanços na pesquisa e no desenvolvimento da aquicultura brasileira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n. 8, p. iv–vi, 2013a.

- ROCHA, C. M. C. da; RESENDE, E. K. de; ROUTLEDGE, E. A. B.; LUNDSTEDT, L. M. Avanços na pesquisa e no desenvolvimento da aquicultura brasileira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n. 8, p. iv–vi, 2013b.
- SCHARTL, M.; KNEITZ, S.; VOLKOFF, H.; ADOLFI, M.; SCHMIDT, C.; FISCHER, P.; MINX, P.; TOMLINSON, C.; MEYER, A.; WARREN, W. C. The Piranha Genome Provides Molecular Insight Associated to Its Unique Feeding Behavior. **Genome Biology and Evolution**, v. 11, n. 8, p. 2099–2106, 1 ago. 2019a.
- SCHARTL, M.; KNEITZ, S.; VOLKOFF, H.; ADOLFI, M.; SCHMIDT, C.; FISCHER, P.; MINX, P.; TOMLINSON, C.; MEYER, A.; WARREN, W. C. The Piranha Genome Provides Molecular Insight Associated to Its Unique Feeding Behavior. **Genome Biology and Evolution**, v. 11, n. 8, p. 2099–2106, 1 ago. 2019b.
- SHAO, F.; LUDWIG, A.; MAO, Y.; LIU, N.; PENG, Z. Chromosome-level genome assembly of the female western mosquitofish (*Gambusia affinis*). **GigaScience**, v. 9, n. 8, p. 1–10, 1 ago. 2020. Disponível em: <<https://academic.oup.com/gigascience/article/9/8/giaa092/5897807>>. Acesso em: 22 set. 2021.
- SIDONIO, L.; CAVALCANTI, I.; CAPANEMA, L.; MORCH, R.; LIMA, J.; BURNS, V.; JÚNIOR, A. J. A.; AMARAL, J. V. Experiências internacionais aquícolas e oportunidades de desenvolvimento da aquicultura no Brasil : proposta de inserção do BNDES. **BNDES Setorial**, v. 36, 2012.
- SMITH, S. R.; NORMANDEAU, E.; DJAMBAZIAN, H.; NAWARATHNA, P. M.; BERUBE, P.; MUIR, A. M.; RAGOISSIS, J.; PENNEY, C. M.; SCRIBNER, K. T.; LUIKART, G.; WILSON, C. C.; BERNATCHEZ, L. A chromosome-anchored genome assembly for Lake Trout (*Salvelinus namaycush*). **Molecular Ecology Resources**, v. 22, n. 2, p. 679–694, 1 fev. 2022.
- SONESON, C.; LOVE, M. I.; ROBINSON, M. D.; FLOOR, S. N. Differential analyses for RNA-seq: transcript-level estimates improve gene-level inferences [version 2; peer review: 2 approved] report report. 2016.
- SONG, W.; LI, Y.; ZHAO, Y.; LIU, Y.; NIU, Y.; PANG, R.; MIAO, G.; LIAO, X.; SHAO, C.; GAO, F.; CHEN, S. Construction of a High-Density Microsatellite Genetic Linkage Map and Mapping of Sexual and Growth-Related Traits in Half-Smooth Tongue Sole (*Cynoglossus semilaevis*). **PLoS ONE**, v. 7, n. 12, 2012.
- STAMATAKIS, A. RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. **Bioinformatics**, v. 30, n. 9, p. 1312–1313, 1 maio 2014.
- STEINKE, D.; SALZBURGER, W.; MEYER, A. Novel relationships among ten fish model species revealed based on a phylogenomic analysis using ESTs. **Journal of Molecular Evolution**, v. 62, n. 6, p. 772–784, 11 jun. 2006.
- SUMNER, A. T. A simple technique for demonstrating centromeric heterochromatin. **Experimental Cell Research**, v. 75, n. 1, 1972.

TOMASZKIEWICZ, M.; MEDVEDEV, P.; MAKOVA, K. D. Y and W Chromosome Assemblies: Approaches and Discoveries. **Trends in Genetics**, v. 33, n. 4, p. 266–282, 1 abr. 2017. . Acesso em: 27 abr. 2022.

UTSUNOMIA, R.; SILVA, D. M. Z. de A.; RUIZ-RUANO, F. J.; GOES, C. A. G.; MELO, S.; RAMOS, L. P.; OLIVEIRA, C.; PORTO-FORESTI, F.; FORESTI, F.; HASHIMOTO, D. T. Satellitome landscape analysis of *Megaleporinus macrocephalus* (Teleostei, Anostomidae) reveals intense accumulation of satellite sequences on the heteromorphic sex chromosome. **Scientific Reports**, v. 9, n. 1, p. 1–10, 2019a.

UTSUNOMIA, R.; SILVA, D. M. Z. de A.; RUIZ-RUANO, F. J.; GOES, C. A. G.; MELO, S.; RAMOS, L. P.; OLIVEIRA, C.; PORTO-FORESTI, F.; FORESTI, F.; HASHIMOTO, D. T. Satellitome landscape analysis of *Megaleporinus macrocephalus* (Teleostei, Anostomidae) reveals intense accumulation of satellite sequences on the heteromorphic sex chromosome. **Scientific Reports**, v. 9, n. 1, p. 1–10, 2019b.

VARELA, E. S.; BEKAERT, M.; GANECO-KIRSCHNIK, L. N.; TORATI, L. S.; SHIOTSUKI, L.; DE ALMEIDA, F. L.; VILLELA, L. C. V.; REZENDE, F. P.; DA SILVA BARROSO, A.; DE FREITAS, L. E. L.; TAGGART, J. B.; MIGAUD, H. A high-density linkage map and sex-linked markers for the Amazon Tambaqui *Colossoma macropomum*. **BMC Genomics**, v. 22, n. 1, p. 1–10, 1 dez. 2021.

VOLFF, J.-N. Genome evolution and biodiversity in teleost fish. **Heredity** 2005 **94:3**, v. 94, n. 3, p. 280–294, 22 dez. 2004a. Disponível em: <<https://www.nature.com/articles/6800635>>. Acesso em: 22 set. 2021.

VOLFF, J.-N. Genome evolution and biodiversity in teleost fish. **Heredity** 2005 **94:3**, v. 94, n. 3, p. 280–294, 22 dez. 2004b.

VURTURE, G. W.; SEDLAZECK, F. J.; NATTESTAD, M.; UNDERWOOD, C. J.; FANG, H.; GURTOWSKI, J.; SCHATZ, M. C. GenomeScope: Fast reference-free genome profiling from short reads. **Bioinformatics**, v. 33, n. 14, p. 2202–2204, 2017.

WANG, K.; WANG, J.; ZHU, C.; YANG, L.; REN, Y.; RUAN, J.; FAN, G.; HU, J.; XU, W.; BI, X.; ZHU, Y.; SONG, Y.; CHEN, H.; MA, T.; ZHAO, R.; JIANG, H.; ZHANG, B.; FENG, C.; YUAN, Y.; GAN, X.; LI, Y.; ZENG, H.; LIU, Q.; ZHANG, Y.; SHAO, F.; HAO, S.; ZHANG, H.; XU, X.; LIU, X.; WANG, D.; ZHU, M.; ZHANG, G.; ZHAO, W.; QIU, Q.; HE, S.; WANG, W. African lungfish genome sheds light on the vertebrate water-to-land transition. **Cell**, v. 184, n. 5, p. 1362–1376.e18, 4 mar. 2021.

WARREN, W. C.; BOGGS, T. E.; BOROWSKY, R.; CARLSON, B. M.; FERRUFINO, E.; GROSS, J. B.; HILLIER, L.; HU, Z.; KEENE, A. C.; KENZIOR, A.; KOWALKO, J. E.; TOMLINSON, C.; KREMITZKI, M.; LEMIEUX, M. E.; GRAVES-LINDSAY, T.; MCGAUGH, S. E.; MILLER, J. T.; MOMMERSTEEG, M. T. M.; MORAN, R. L.; PEUSS, R.; RICE, E. S.; RIDDLE, M. R.; SIFUENTES-ROMERO, I.; STANHOPE, B. A.; TABIN, C. J.; THAKUR, S.; YAMAMOTO, Y.; ROHNER, N. A chromosome-level genome of *Astyanax mexicanus* surface

fish for comparing population-specific genetic differences contributing to trait evolution. **Nature Communications** 2021 12:1, v. 12, n. 1, p. 1–12, 4 mar. 2021a.

WARREN, W. C.; BOGGS, T. E.; BOROWSKY, R.; CARLSON, B. M.; FERRUFINO, E.; GROSS, J. B.; HILLIER, L.; HU, Z.; KEENE, A. C.; KENZIOR, A.; KOWALKO, J. E.; TOMLINSON, C.; KREMITZKI, M.; LEMIEUX, M. E.; GRAVES-LINDSAY, T.; MCGAUGH, S. E.; MILLER, J. T.; MOMMERSTEEG, M. T. M.; MORAN, R. L.; PEUSS, R.; RICE, E. S.; RIDDLE, M. R.; SIFUENTES-ROMERO, I.; STANHOPE, B. A.; TABIN, C. J.; THAKUR, S.; YAMAMOTO, Y.; ROHNER, N. A chromosome-level genome of *Astyanax mexicanus* surface fish for comparing population-specific genetic differences contributing to trait evolution. **Nature Communications** 2021 12:1, v. 12, n. 1, p. 1–12, 4 mar. 2021b.

WRIGHT, A. E.; DEAN, R.; ZIMMER, F.; MANK, J. E. **How to make a sex chromosome** **Nature Communications** 2016.

XIAO, Y.; XIAO, Z.; MA, D.; LIU, J.; LI, J. Genome sequence of the barred knifejaw *Oplegnathus fasciatus* (Temminck & Schlegel, 1844): The first chromosome-level draft genome in the family Oplegnathidae. **GigaScience**, v. 8, n. 3, p. 1–8, 2019.

XUE, L.; GAO, Y.; WU, M.; TIAN, T.; FAN, H.; HUANG, Y.; HUANG, Z.; LI, D.; XU, L. Telomere-to-telomere assembly of a fish Y chromosome reveals the origin of a young sex chromosome pair. **Genome Biology** 2021 22:1, v. 22, n. 1, p. 1–20, 12 jul. 2021a. Disponível em: <<https://genomebiology.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13059-021-02430-y>>. Acesso em: 20 out. 2021.

XUE, L.; GAO, Y.; WU, M.; TIAN, T.; FAN, H.; HUANG, Y.; HUANG, Z.; LI, D.; XU, L. Telomere-to-telomere assembly of a fish Y chromosome reveals the origin of a young sex chromosome pair. **Genome Biology** 2021 22:1, v. 22, n. 1, p. 1–20, 12 jul. 2021b.

YAN, Y. L.; BATZEL, P.; TITUS, T.; SYDES, J.; DESVIGNES, T.; BREMILLER, R.; DRAPER, B.; POSTLETHWAIT, J. H. A hormone that lost its receptor: Anti-müllerian hormone (AMH) in Zebrafish gonad development and sex determination. **Genetics**, v. 213, n. 2, 2019a.

YAN, Y. L.; BATZEL, P.; TITUS, T.; SYDES, J.; DESVIGNES, T.; BREMILLER, R.; DRAPER, B.; POSTLETHWAIT, J. H. A hormone that lost its receptor: Anti-müllerian hormone (AMH) in Zebrafish gonad development and sex determination. **Genetics**, v. 213, n. 2, 2019b.

YOU, X.; SHAN, X.; SHI, Q. **Research advances in the genomics and applications for molecular breeding of aquaculture animals** **Aquaculture** 2020.

YUE, G. H.; WANG, L. Current status of genome sequencing and its applications in aquaculture. 2016a.

YUE, G. H.; WANG, L. Current status of genome sequencing and its applications in aquaculture. 2016b.

ZIMIN, A. V.; SALZBERG, S. L. The genome polishing tool POLCA makes fast and accurate corrections in genome assemblies. **PLoS Computational Biology**, v. 16, n. 6, 2020.

ZIMINID, A. V; SALZBERGID, S. L. The SAMBA tool uses long reads to improve the contiguity of genome assemblies. **PLOS Computational Biology**, v. 18, n. 2, p. e1009860, 4 fev. 2022.