



Discordância genealógica e evolução adaptativa dos grandes felinos (*Panthera* spp.)

Fernanda Trindade, Eduardo Eizirik

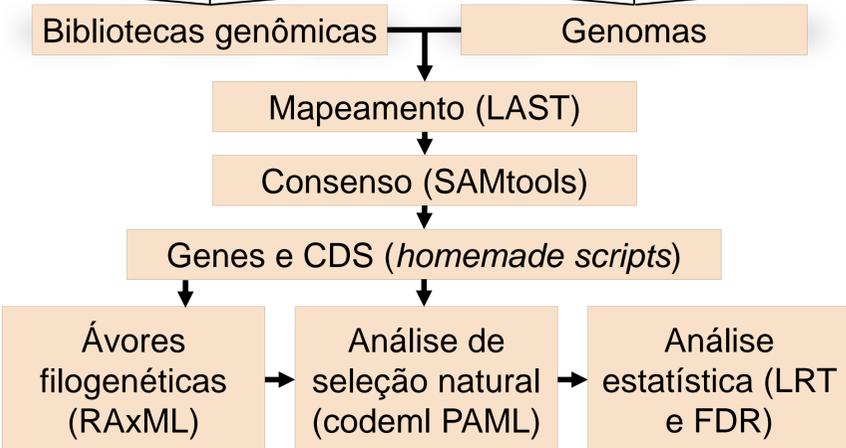
Introdução

O gênero *Panthera* constitui o grupo dos felinos de grande porte, os quais estão presentes em quase todos os continentes, habitando uma variedade de ambientes e apresentando grande diversidade fenotípica. Tais observações indicam a provável ocorrência de seleção natural favorecendo a adaptação destas espécies aos respectivos nichos. Entretanto, o estudo destes processos é prejudicado pela dificuldade em resolver de forma conclusiva as relações filogenéticas entre estes organismos. Isto ocorre devido à divergência muito rápida e recente entre essas espécies, o que leva à ocorrência de discordância genealógica entre diferentes marcadores utilizados para reconstruir sua filogenia. A exploração do genoma completo desses animais pode fornecer, além de uma rica caracterização da história evolutiva do gênero, assinaturas de seleção natural afetando cada uma de suas espécies.

Objetivo

Analisar o genoma completo das cinco espécies do gênero *Panthera* (*P. leo*, *P. onca*, *P. pardus*, *P. tigris* e *P. uncia*) a fim de investigar suas relações filogenéticas e buscar assinaturas de seleção positiva.

Método



Resultados

Genes (incluindo isoformas): ~24.600

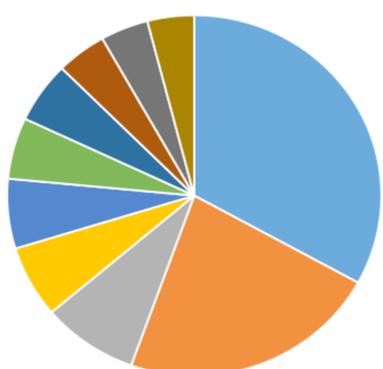
↳ Em média para cada espécie. Utilizados para a reconstrução das árvores filogenéticas.

Sequências codificantes (CDSs) analisadas: ~20.000

↳ Com *start* e *stop codon* em pelo menos uma das espécies, <50% de sítios indeterminados (Ns) e quadro de leitura correto.

Genes únicos (isoforma com maior CDS): ~13.000

↳ Considerados para o cálculo do FDR na análise de seleção natural.



- (Fca,(((Ple,Ppa),Pon),(Pti,Pun)));
- (Fca,((((Ple,Ppa),Pon),Pun),Pti));
- (Fca,(((Ple,Ppa),Pun),(Pti,Pon)));
- (Fca,((Ple,Ppa),((Pon,Pti),Pun)));
- (Fca,((((Ple,Ppa),Pun),Pon),Pti));
- (Fca,(((Ple,Pon),Ppa),(Pti,Pun)));
- (Fca,((((Ple,Pon),Ppa),Pun),Pti));
- (Fca,((((Ple,Ppa),Pon),Pti),Pun));
- (Fca,(((Ple,Ppa),(Pon,Pti)),Pun));
- (Fca,((Ple,(Ppa,Pon)),(Pti,Pun)));

Fig.1: Gráfico de porcentagem das 10 árvores filogenéticas mais comuns observadas dentre os genes. Ple: leão; Ppa: leopardo; Pon: onça-pintada; Pti: tigre; Pun: leopardo das neves; Fca: gato doméstico;

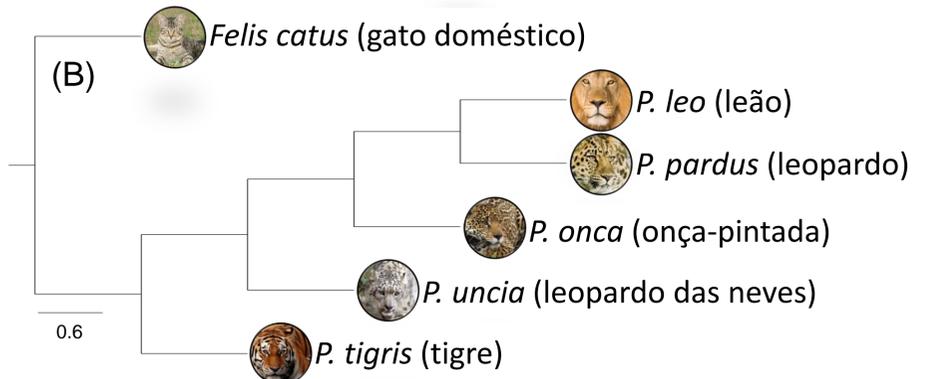
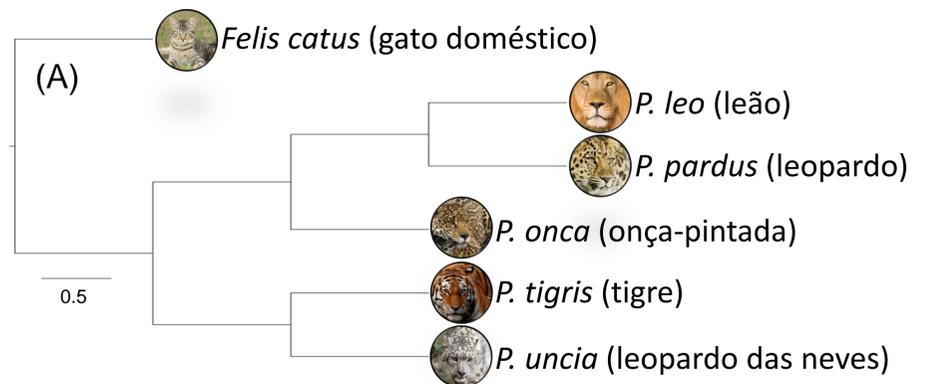


Fig.2: Topologias (A) da árvore da espécie, encontrada para 23% dos genes analisados; e (B) da segunda árvore mais comum, encontrada para 15% dos genes.

Site model (codons sob seleção positiva):

LRT (p -value < 0,05): 785 CDSs;

FDR (q -value < 0,05): 696 CDSs.

Branch-site model (seleção positiva em cada espécie):

Onça-pintada (q -value < 0,05): 17 CDSs;

Tigre (q -value < 0,05): 26 CDSs.

Dentre esses genes encontramos fatores de transcrição, funções relacionadas a transporte de cálcio, atividade muscular, colágeno, entre outros.

Conclusões

Apesar de a árvore da espécie ter sido a topologia mais abundante dentre o conjunto de genes, os resultados demonstram assinaturas de ocorrência de processos como hibridação e/ou segregação incompleta de linhagens, os quais geram discordância genealógica. Além disso, a evidência de seleção natural nos genes citados sugere associação de tais funções a adaptações dos organismos aos seus nichos ecológicos, abrindo caminho para investigações detalhadas sobre os processos moleculares envolvidos.

Agradecimentos

M.Sc. Henrique Vieira Figueiró

