

# Análise *in Silico* de Elementos Transponíveis de *Drosophila willistoni*

Pedro Henrique Mapelli<sup>1</sup>, Vera Lucia da Silva Valente Gaiety<sup>2</sup>

1 Ciências Biológicas, Universidade Federal do Rio Grande do Sul

2 Laboratório de Drosophila, Departamento de Genética, Universidade Federal do Rio Grande do Sul

## Introdução

Elementos Transponíveis (TEs) são sequências de DNA com capacidade de movimento dentro do genoma, presente em virtualmente todos organismos. TEs são divididos pelo seu mecanismo de mobilidade como pertencentes a classe I (utilizando um intermediário de RNA) ou II (utilizando um intermediário de DNA). Esses elementos são herdados pela prole dos organismos, porém transferências entre clados distantes filogeneticamente também ocorrem. TEs, pela sua mobilização, são considerados um importante mecanismo evolutivo, tornando-se ferramentas importantes para o estudo de evolução genômica e função gênica.

Dentre os modelos biológicos, o gênero *Drosophila* apresenta características relevantes para o estudo de TEs. A espécie *D. willistoni*, embora tenha seu genoma sequenciado, é um alvo pouco estudado comparado a outras espécies do grupo. Este trabalho tem como objetivo escanear *in silico* quatro TEs (412, *hobo*, *BuT2*, *Mar*) no genoma de *D. willistoni* e estabelecer as relações evolutivas entre elas.

## Resultados e Discussão

Cópias dos quatro TEs foram obtidas no genoma disponível de *D. willistoni*. O TE 412 apresentou um maior número de cópias conservadas quando comparada aos outros TEs, sendo a árvore filogenética obtida subdividida em dois grupos principais. O TE *hobo*, embora tenha gerado um resultado baixo de cópias, apresentou uma cópia muito próxima de um elemento *hobo* de *Ceratitis capitata*, o que indicaria uma possibilidade de transferência horizontal. Cópias dos TEs *BuT2* e *Mar* geraram árvores filogenéticas de baixa confiança devido a pouca variedade de nucleotídeos e, portanto, uma conservação desses TEs no genoma de *D. willistoni*. Estes resultados trazem informações importantes do que esperar e como conduzir mais estudos a respeito destes TEs em *D. willistoni*. Ensaios de hibridação *in situ* nos cromossomos politênicos de *D. willistoni* deve confirmar os resultados obtidos nesta análise.

**Fig.1. Árvores filogenéticas dos quatro TEs buscados. Sequências mais próximas indicam maior similaridade. Números presentes nos nós representam o valor de confiança da separação dos galhos em suas respectivas árvores (valores acima de 70 são considerados bons parâmetros de confiança). A. 412. B. hobo. C. BuT2. D. Mar.**

## Metodologia

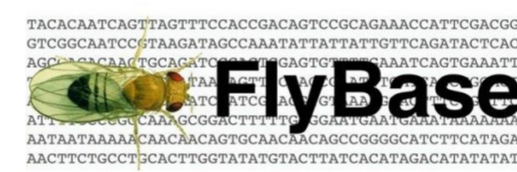
As sequências dos TEs selecionados foram submetidas em bancos de dados na busca de sequências homólogas com alta similaridade.

TE	Pares de base	Fonte
412	885	Blauth et al., 2011
<i>hobo</i>	665	Deprá et al., 2009
<i>BuT2</i>	766	Rossato et al., 2014
<i>Mar</i>	2487	Deprá et al., 2012

Buscas de sequências similares



Uma vez obtidas, as sequências homólogas foram alinhadas com o programa MEGA7 e árvores filogenéticas foram geradas.



Alinhamento e árvores filogenéticas



Molecular Evolutionary Genetics Analysis

