



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2018: SIC - XXX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2018
<b>Local</b>	Campus do Vale - UFRGS
<b>Título</b>	Análise in Silico de Elementos Transponíveis de Drosophila willistoni
<b>Autor</b>	PEDRO HENRIQUE MAPELLI
<b>Orientador</b>	VERA LUCIA DA SILVA VALENTE GAIESKY

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

Aluno: Pedro Henrique Mapelli

Orientadora: Vera Lucia da Silva Valente Gaiesky

Universidade Federal do Rio Grande do Sul

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 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.

Utilizando a ferramenta BLASTn no banco de dados do site flybase.org e de GenBank (blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi), sequências homólogas dos TEs foram buscadas. Cópias com valor de similaridade mais altas (valor de expectativa  $<1e^{-9}$ ) foram utilizadas para análise de sequências nucleotídicas. As sequências foram alinhadas utilizando o programa MEGA7 e, posteriormente, árvores filogenéticas dos TEs foram construídas.

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*. Análises *in situ* desses TEs em cromossomos politênicos destes elementos poderão confirmar os resultados obtidos desta análise.