



Evento	Salão UFRGS 2015: SIC - XXVII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2015
Local	Porto Alegre - RS
Título	Discordância genealógica e evolução adaptativa dos grandes felinos (Panthera spp.)
Autor	FERNANDA DE JESUS TRINDADE
Orientador	EDUARDO EIZIRIK
Instituição	Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul

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

Fernanda Trindade¹, Eduardo Eizirik¹ (orientador)

¹ Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul - Faculdade de Biociências

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. Assim, o objetivo do presente trabalho é 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 por assinaturas de seleção positiva ocorrente neste grupo.

Para tal, geramos um genoma completo da espécie *P. onca* e bibliotecas genômicas de *P. pardus*, os quais foram analisados em conjunto com bibliotecas genômicas de *P. leo* e *P. uncia* (obtidas da base de dados do NCBI), e genomas completos já publicados de *P. tigris* e *Felis catus*. Após as sequências brutas passarem por filtros de qualidade, os dados foram mapeados contra o genoma de *P. tigris* e utilizados para gerar um consenso de cada espécie. Os genes completos das seis espécies e suas respectivas regiões codificantes (CDS) foram extraídos com base na anotação de *P. tigris*. Esses genes, preditos como ortólogos e presentes nas seis espécies, foram utilizados na construção das filogenias. As análises de seleção natural dos CDS foram realizadas com o programa codeml utilizando os modelos *branch-site* e *site*, ambos seguidos de teste estatístico LRT.

As árvores filogenéticas do conjunto de aproximadamente 24.600 genes apresentam todas as topologias possíveis para uma análise enraizada com cinco espécies. A mais frequente mostra a onça-pintada como espécie irmã de leão e leopardo, e leopardo das neves como espécie irmã de tigre, topologia que reproduz a árvore já atualmente mais aceita para o grupo. As análises de seleção natural utilizaram cerca de 20 mil genes, os quais apresentam ORF (*open reading frame*) completa e quadro de leitura correto. Os resultados obtidos indicaram evidências estatisticamente significativas ($p < 0,05$) de seleção positiva para cerca de 400 genes, com base no modelo *site* de todas as espécies em conjunto, e 1-33 genes para cada espécie quando analisada separadamente (modelo *branch-site*). Dentre esses genes encontramos fatores de transcrição, funções relacionadas a transporte de cálcio, atividade muscular, colágeno, entre outros. A evidência de seleção natural atuando sobre estes genes sugere que tais funções estão associadas a adaptações destes organismos aos seus nichos ecológicos, o que abre caminho para investigações detalhadas sobre os processos moleculares envolvidos na evolução deste grupo.