

Reconstrução da história filogenética e distribuição do retrotransposon CR1_E em genomas disponíveis em banco de dados.

Andrea Gomes Tavanti¹ Maríndia Deprá^{1,2}

¹ Laboratório de Drosophila, Departamento de Genética, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)

² Programa de Pós-graduação em Genética e Biologia Molecular (PPGBM), Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)



INTRODUÇÃO

Elementos transponíveis (TEs) são sequências que possuem a particularidade de se mobilizar nos genomas, estando presentes ubiquamente nos organismos. Os retrotransposons Chicken repeat 1 (CR1) constituem uma superfamília de TEs com estudos incipientes e restritos aos genomas aviários. O objetivo desse trabalho foi reconstruir a história filogenética e distribuição de elementos CR1_E-like através da busca por sequências homólogas disponíveis em bancos de dados.

METODOLOGIA

Utilizamos as sequências CR1_E_Pass, CR1_E_PPU e CR1_E_VSP (Figura 1) como sonda para buscas, através do BLASTn, nos bancos de dados Genbank e Flybase. Somente os resultados de BLAST menores que e^{-10} foram analisados. As sequências foram alinhadas utilizando os parâmetros *default* da plataforma MAFFT v. 7 e os resultados visualizados e manualmente editados através do software Aliview. Por fim, foram estabelecidas as relações filogenéticas entre as três sondas, suas sequências homólogas e o acervo de TEs CR1 disponíveis no banco de dados Repbase. Para a construção da filogenia utilizamos o método *Maximum Likelihood* (ML) através do software MEGA e foi considerada somente as regiões da ORF2 com parte da enzima RT e 3'UTR.

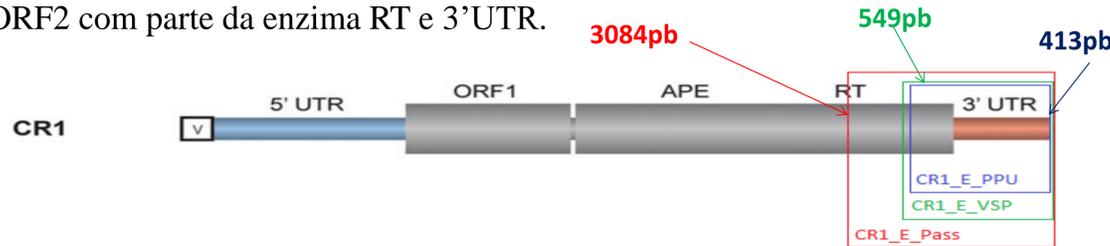


Figura 1. Esquema geral dos elementos CR1. Em destaque, as regiões das sequências utilizadas como sonda nesse trabalho. Em vermelho CR1_E_Pass, em verde CR1_E_VSP e em azul CR1_E_PPU. Figura retirada e adaptada de KAPUSTA & SUH (2017).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Observamos sequências principalmente nas maiores linhagens de amniotas (mamíferos, répteis e aves) e em *Escherichia coli* (Tabela 1). Portanto a distribuição de sequências CR1_E-like não foram de acordo com a filogenia dos genomas hospedeiros, sugerindo possíveis eventos de transferência horizontal. Além disso, a presença destes TEs nos genomas de amniotas corrobora a hipótese de terem sido inseridos no ancestral em comum desse grupo, porém evoluíram distintamente em cada linhagem (Figura 2).

Tabela 1. Distribuição da subfamília CR1_E nas seqências homólogas. A presença é indicada por "+" e a ausência é indicada por "-".

Grupo	Ordem	Espécies	CR1_E_Pass	CR1_E_PPU	CR1_E_VSP
Accipitriformes		<i>Gymnogyps californianus</i>	+	+	+
		<i>Haliaeetus leucocephalus</i>	+	-	-
Anseriformes		<i>Anas platyrhynchos</i>	+	+	-
		<i>Anser cygnoides</i>	+	+	+
Apterygiformes		<i>Apteryx australis</i>	-	+	+
Columbiformes		<i>Columba livia</i>	+	+	-
		<i>Gallus gallus</i>	+	+	+
Galliformes		<i>Numida meleagris</i>	-	+	-
		<i>Leptosomus discolor</i>	-	+	-
Opisthocomiformes		<i>Opisthocomus hoazin</i>	+	-	-
Otidiformes		<i>Chlamydotis macqueenii</i>	+	-	-
Passeriformes		<i>Corvus brachyrhynchos</i>	+	+	-
		<i>Lepidothrix coronata</i>	+	-	-
		<i>Serinus canaria</i>	+	-	-
Aves		<i>Anastomus oscitans</i>	-	+	-
		<i>Ciconia boyciana</i>	+	+	+
		<i>Egretta garzetta</i>	+	+	-
		<i>Lophotibis cristata</i>	+	+	+
		<i>Morus capensis</i>	+	+	+
Pelecaniformes		<i>Nipponia nippon</i>	+	+	+
		<i>Pelecanus occidentalis</i>	+	+	-
		<i>Picoides pubescens</i>	-	+	+
Procellariiformes		<i>Procellaria aequinoctialis</i>	+	+	-
Psittaciformes		<i>Ara ararauna</i>	+	-	-
		<i>Chalcopsitta cardinalis</i>	+	+	-
Pteroclidiformes		<i>Nestor notabilis</i>	+	-	+
		<i>Pterocles gutturalis</i>	-	+	-
Sphenisciformes		<i>Aptenodytes forsteri</i>	+	+	+
		<i>Aptenodytes patagonicus</i>	+	+	-
Trogoniformes		<i>Apaloderma vittatum</i>	-	+	-
Bactéria	Enterobacteriales	<i>Escherichia coli</i>	+	+	+
		<i>Anolis carolinensis</i>	+	+	+
Répteis	Squamata	<i>Cyclura pinguis</i>	-	-	+
		<i>Iberolacerta cyreni</i>	+	+	+
		<i>Sceloporus undulatus</i>	+	+	+

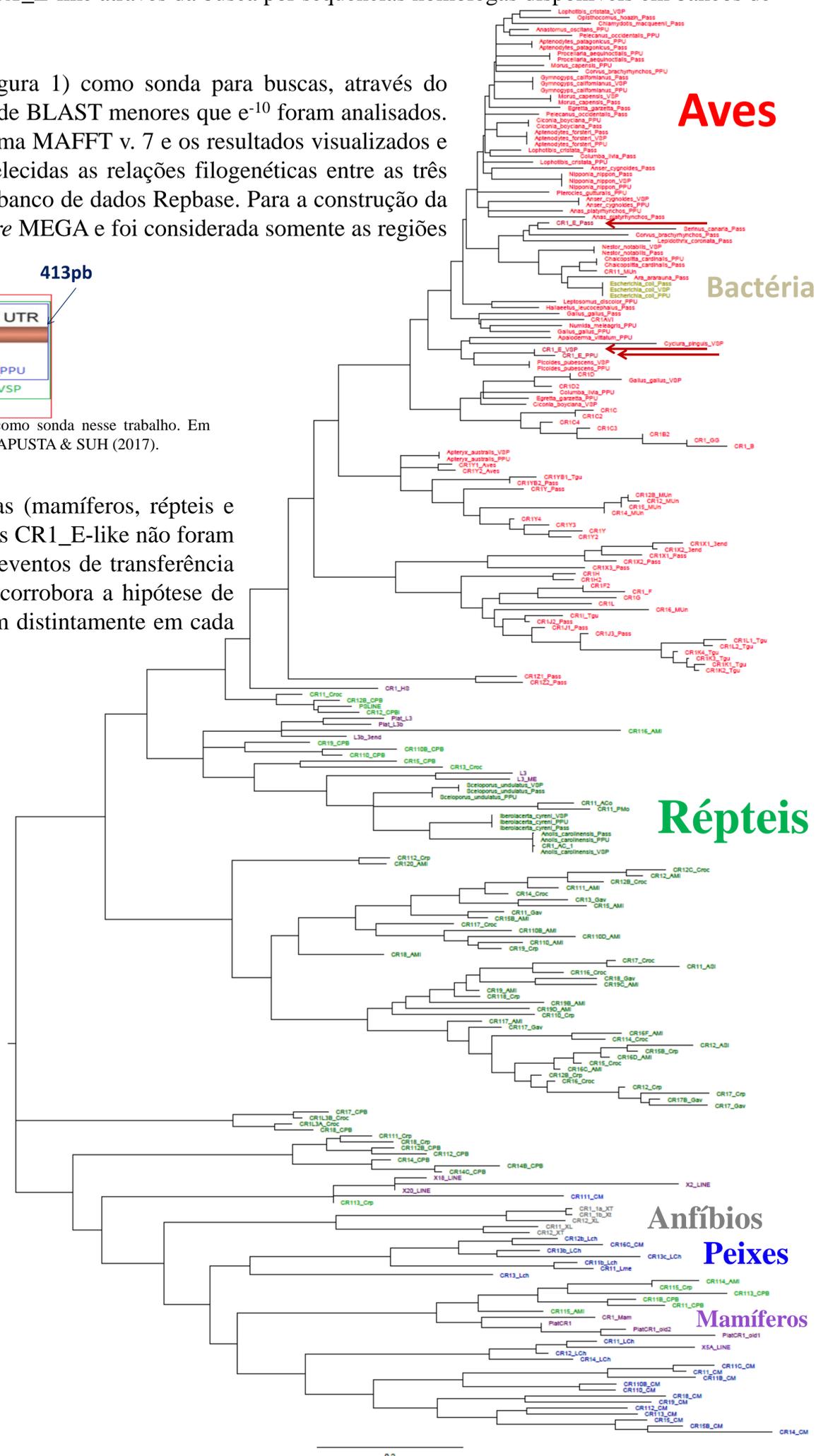


Figura 2. Árvore guia de alinhamento entre os elementos CR1. Relações filogenéticas entre as sequências sondas (CR1_E_Pass, CR1_E_VSP e CR1_E_PPU), as sequências homólogas às sondas e as sequências CR1 presentes no banco de dados Repbase. As sequências sondas estão indicadas por setas vermelhas. As sequências homólogas aos elementos CR1_E_Pass, CR1_E_VSP e CR1_E_PPU estão indicadas pela abreviação Pass, VSP e PPU respectivamente. Outras sequências CR1 presentes foram retiradas do Repbase e estão representadas pelos seus identificadores do banco de dados. As sequências estão indicadas em cores diferentes dependendo de se sua origem são bactérias (amarelo), peixes (azul), anfíbios (cinza), verde (répteis), mamíferos (roxo) e aves (vermelho).