

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL

ANÁLISE DE ELEMENTOS TRANSPONÍVEIS PRESENTES NOS GENOMAS DE
BORBOLETAS *HELICONIUS*: UMA ABORDAGEM COM FERRAMENTAS DE
BIOINFORMÁTICA

ETIELE DE SENNA SILVEIRA

Dissertação submetida ao Programa de
Pós-Graduação em Genética e Biologia
Molecular da UFRGS como requisito
parcial para a obtenção do grau de Mestre
em Genética e Biologia Molecular.

ORIENTADOR: ALDO MELLENDER DE ARAÚJO

CO-ORIENTADORA: MARÍNDIA DEPRÁ

PORTO ALEGRE, JUNHO DE 2018

Agencia financiadora: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq)

Laboratórios envolvidos neste trabalho:

Laboratório de Genética Ecológica- Instituto de Biociências, Departamento de Genética, UFRGS.

Laboratório de *Drosophila* – Instituto de Biociências, Departamento de Genética, UFRGS.

Dedico esse trabalho a memória de
Antônio Carlos, meu pai.

Agradecimentos

Agradeço ao apoio de meus familiares e amigos que me ajudaram nessa empreitada. Pessoas que demonstraram ter grande paciência nos momentos mais difíceis que tive que superar enquanto o projeto estava em andamento. Agradeço pelo apoio, presença de minha mãe Marlene, meus irmãos Andriago e Eduardo que por mais que estivessem longe, me deram seu apoio para que eu fosse em frente. Aos amigos, Carol e Ricardo, por me controlarem nos momentos mais pesados que tive. A minha tia Irene, aos meus primos e seus “anexos” (Maciel, Lara e Gabi) que tornaram meus dias mais leves. Aos meus felinos que me agraciaram com suas brincadeiras e ronronares mesmo quando eu estava sem rumo. Clívia e Francisco pela possibilidade de criar risadas mesmo em meio as piores situações. Vocês foram essenciais! As colegas de laboratório, Tiziane, Aline, Natasha, Paula, professora Vera e aos meus orientadores Aldo e Maríndia. As conversas e diálogos com vocês enriqueceram minha experiência nesse processo e sou grata por todo o aprendizado que puderam me proporcionar. Ao Marcos, que apareceu durante esse período e que se tornou meu melhor companheiro e que me deu o apoio e consolo durante os dias mais cinzas. Todos vocês foram importantes durante essa minha jornada no mestrado, e a presença de cada um na minha vida me ajudou a finalizar esse projeto.

RESUMO

Borboletas do gênero *Heliconius* tem sido alvo de pesquisas biológicas, genéticas, ecológicas e desenvolvimento. A análise de Elementos Transponíveis (ET) nesses organismos visa compreender melhor esses genomas e tentar desvendar as suas intrincadas relações evolutivas. Este estudo teve por objetivo caracterizar os ETs presentes nos genomas de *Heliconius* disponíveis no NCBI e averiguar a presença de ETs já descritos para *H. melpomene* em outros organismos. Um total de 269 ETs disponíveis na base de dados RepBase foram usados para confrontar com dados disponíveis no NCBI através do BLASTN. Os resultados foram submetidos às análises no programa *Molecular Evolutionary Genetics Analysis* (MEGA). Cerca de 10,9% do total de ETs de Classe I e cerca de 29,4% do total de ET de Classe II apresentaram similaridades de 80-100% em relação a sequências de *H. numata* e *H. erato*. Em relação as sequências de outros organismos, cerca de 0,57% dos ETs de Classe I e 7,36% dos ETs de Classe II apresentaram similaridades entre 80-100% em relação a sequências provenientes de Hymenoptera, Lepidoptera e Diptera.

ABSTRACT

Butterflies of the genus *Heliconius* have been the subject of biological, genetic, ecological and developmental researches. The analysis of Transposable Elements (TEs) in these butterflies search for a better understanding of their genome structure as well as their intricate evolutionary relationships. The study aims to characterize the TEs in *Heliconius* genomes available in the NCBI and to investigate the presence of TEs already described for *H. melpomene* in other organisms. A total of 269 TEs available in the RepBase were used in Blastn to compare with data available in NCBI and the results were submitted to MEGA. About 10.3% of the total Class I ETs and about 29,4% of the total Class II ET showed similarities of 80-100% to the sequences of *H. numata* and *H. erato*. As for the sequences of other organisms, about 0,57% of Class I TEs and 7,36% of Class II TEs showed similarities between 80 -100% in relation to sequences from Hymenoptera, Lepidoptera and Diptera.

INTRODUÇÃO

Na década de 1940, Barbara McClintock descobriu elementos controladores que poderiam se excisar e se inserir de forma aleatória, causando modificações no fenótipo dos grãos de milho. Anos mais tarde foi descoberto características a respeito desses elementos e eles foram denominados Elementos Transponíveis (ETs). Esses ETs foram, a partir de então, encontrados tanto em organismos eucariotos como em procariotos, o que sugeria que eles seriam bastante antigos. A sua presença indica que eles são herdados verticalmente e se espalham pelos genomas hospedeiros e ainda possuem a capacidade de ocasionalmente serem transmitidos horizontalmente, podendo “colonizar” outros genomas (Capy *et al.* 1998). A primeira classificação de ETs foi proposta por Finnegan em 1989 e se baseava apenas nos modos de transposição utilizados pelos elementos. Os elementos de Classe I são caracterizados por serem aqueles que usam enzimas transcriptase reversas e intermediários de RNA para fazer a sua retrotransposição. Os elementos de Classe II produzem uma segunda cópia que será adicionada em outra parte do genoma utilizando apenas o DNA como mediador. A caracterização dos diferentes tipos de ETs leva em consideração a presença de sequências terminais invertidas (TIR, *Terminal Inverted Repeats*), de sítios alvos de duplicação (TSD, *Target Site Duplication*) e as repetições Longas de terminação (LTR, *Long Terminal Repeats*), assim como as proteínas que compõem esses segmentos e que auxiliam a sua mobilidade nos genomas (Silva *et al.* 2016, Capy *et al.* 1998). Em 2007 foi feita a primeira proposição de um sistema de classificação de ETs unificado que leva em consideração os sistemas de transposição, as similaridades de sequências e as relações estruturais desses elementos. A definição de famílias e subfamílias se dá através da forte similaridade de sequências em pelo menos 80% do alinhamento das sequências. Dois elementos pertencem a mesma família se eles possuem pelo menos 80% de similaridade no seu domínio interno ou codificante, ou dentro das suas regiões terminais repetitivas, ou em ambos. Para evitar uma classificação falsa, se propõem o uso de segmentos com um mínimo de 80 pares de base (Wicker 2007). ETs podem ser autônomos, aqueles que possuem em seu segmento a sequência necessária para transcrever uma enzima que auxiliará no processo de excisão e reinserção em outra posição do genoma. ETs também podem ser classificados como não autônomos, aqueles que não tem a capacidade de sintetizar a própria enzima, mas não significa que esses estejam inativos. Elementos não autônomos podem utilizar a enzima

transcrita por outros elementos que podem estar em qualquer posição do genoma para fazer a sua mobilidade (Casacuberta e González 2013). Análises tem mostrado que os ETs são muito antigos e amplamente dispersos entre os eucariotos, o que indica que eles são residentes de longa data desses genomas. Várias teorias e estudos empíricos tem mostrado que a natureza parasítica e egoísta desses elementos seria suficiente para a sua manutenção nos genomas através de longo tempo evolutivo (Feschotte 2008). Os ETs podem sofrer mutações a cada evento de transposição e seu acúmulo devido a suas duplicações podem acarretar efeitos diversos nos genomas do hospedeiro (Burt e Trivers 2006). Alinhamentos de genes ortólogos de ratos e humanos tem evidenciado que parte dos ETs foram fixados nesses genomas antes da radiação de eutérios, o que indica que eles estão sob forte seleção por ter importante função para o genoma hospedeiro (Silva *et al.* 2003).

Os ETs podem ser considerados primordiais para a evolução dos organismos, já que as suas inserções e excisões podem causar modificações nas proteínas que são sintetizadas, ou mesmo alterar as sequências regulatórias de genes do desenvolvimento, ou ainda ampliar o tamanho genômico do hospedeiro. Logo, elementos ativos podem levar a reestruturação do genoma através de rearranjos cromossômicos, modificações em vias de regulação gênica e servir com matéria prima para a evolução, ou ainda alterar a regulação de genes através da produção de pequenos RNAs derivados de ETs que podem interagir com as sequências já presentes no genoma (Hoffmann *et al.* 2015). Um exemplo desse último caso, de modificação por RNAs derivados de ETs, são os morcegos da família Vespertilionidae. Esses morcegos são insetívoros generalistas. Compõem um grupo de mamíferos que apresenta uma radiação adaptativa há aproximadamente 30-40 milhões de anos, e que teria sido concomitante com a mobilização de elementos transponíveis e o aparecimento de vários pequenos RNAs que teriam permitido que eles adicionassem a sua dieta outras fontes de proteínas como peixes e aves, ou ainda, néctar como fonte calórica (Hoffmann *et al.* 2015).

Repetições genômicas e ETs são ricos em materiais que regulam os genes em eucariotos, podem servir como uma plataforma para a associação de fatores que permitem as diferentes formas de regulação. Também são indicados como fonte para a origem de pequenos RNAs que são utilizados para a regulação e que podem ser exaptados pelo genoma hospedeiro para uma função qualquer, inclusive induzindo a especiação.

Também podem permitir a origem de novas redes regulatórias ou ser selecionados negativamente, o que leva a sua deterioração através de mutações (Feschotte 2008, Rebollo *et al.* 2010, Silva *et al.* 2003). Evidenciou-se que 25% das regiões promotoras em humanos são derivadas de ETs, principalmente aqueles da família *Alu*, evidenciando que os ETs podem ser muito importantes na evolução e regulação de genes em humanos (Jordan *et al.* 2003). Um exemplo importante que ocorre em drosofilídeos que habitam ilhas é que essas sequências podem causar a grande diversidade e auxiliar na especiação endêmica através de sua mobilidade e capacidade de alterar a arquitetura do genoma desses organismos (Craddock 2016).

A regulação do genoma do hospedeiro sobre esses elementos móveis é importante, já que as inserções aleatórias podem acabar sendo deletérias ou mesmo letais. Normalmente essas sequências encontram-se silenciadas por siRNA (pequenos RNAs de interferência) ou por controle epigenético, e se tornam ativas apenas quando o genoma passa por um estresse que libere o controle sobre essas sequências. Estresse químico, tóxico, radiação ionizante ou alterações de temperatura são algumas das causas que podem levar a liberação dessas sequências e ativar a sua mobilidade no DNA (Lisch e Bennetzen 2011, Burns e Boeke 2012). A forma como os genomas lidam com esses ETs pode causar uma ampla variação na composição desses elementos móveis no genoma, sendo que alguns genomas suportam melhor as duplicações desses elementos do que outros. Um exemplo seria o genoma do milho que tem cerca de 85% de seu genoma repleto de diferentes ETs em comparação ao de *Arabidopsis thaliana* que contém apenas 14% do genoma composto por ETs (Rebollo *et al.* 2010).

Análises filogenéticas de diversas espécies mostram que podem ocorrer eventos de Transferência Horizontal (TH) de ETs entre espécies que não são proximamente relacionadas, já que a disposição dos ETs não segue o padrão filogenético encontrado para as sequências que são transmitidas verticalmente (Coates 2015). Organismos devem conter em seu genoma matéria-prima que possa ser utilizada como fonte para evolução, e as transferências horizontais parecem permitir uma maleabilidade do genoma frente à diferentes estressores ambientais, eliminando assim, a possibilidade de extinção (Koonin 2012). Os ETs também têm sido muito utilizados para transformações genéticas em diversos organismos, evidenciando uma importância na manipulação genética e tecnológica de organismos que tenham importância agrícola. Dentre os diferentes

mecanismos utilizados para a manipulação (vírus e bactérias endossimbióticas, por exemplo), os ETs têm mostrado uma grande habilidade já que eles não são restritos ao genoma hospedeiro de origem (Handler 2001).

Através da TH os segmentos de ETs podem ser transferidos para espécies que não necessariamente são proximamente aparentadas, mas que compartilham um mesmo nicho, permitindo que a presença de ETs nos genomas hospedeiros possa ser mantida (Lazareva *et al.* 2015). A TH pode ser mais facilmente encontrada em certo tipo de elemento transponível – retrotransposons – do que em outros transposons, de DNA. Isso provavelmente é devido aos diferentes mecanismos utilizados para a mobilidade entre essas classes de elementos. Transposons de DNA possuem (ou não) transposases, enzimas responsáveis por cortar o elemento da sua posição e reinseri-los em outra no genoma. Algumas publicações têm conseguido mostrar a TH ocorrendo entre os diferentes organismos, normalmente mediados por vírus ou bactérias endossimbiontes. Muitos casos e exemplos citados de TH são aqueles com drosofilídeos, mas não se pode fazer uma generalização, pois esses são modelos clássicos para estudos de genética e desenvolvimento, e possuem muitos genomas já publicados em bancos de dados. Ácaros podem atuar como vetores que contém o elemento *P*, *Tc1/Mariner* e *hAT* nos casos de transferência nas moscas de frutas. A quantificação das transferências horizontais em drosofilídeos indicou uma taxa de uma a cada 20 mil anos. Além de drosofilídeos, foi visto TH em *Hydra*, rotíferos assexuais, enterobactérias e insetos. *Wolbachia* pode atuar como vetor para insetos e nematódeos parasitos de plantas. Transferência de genes funcionais ocorreram em afídeos, mosquitos e bicho da seda (Coates 2015, Schaack *et al.* 2010, Casacuberta *et al.* 2013, Sun *et al.* 2013). Interações frequentes de plantas e insetos através de polinização, alimentação e a origem de muitos vírus de insetos podem explicar a invasão nos genomas dos insetos por sequências de vírus de plantas que seria resultado de TH (Lazareva *et al.* 2015). Esses segmentos transferidos podem acabar sendo deletérios para o genoma hospedeiro caso venham a se inserir e interromper um gene importante para a manutenção da vida e desenvolvimento, ou podem ser cooptados para diferentes funções sendo domesticados/exaptados pelo genoma hospedeiro como ocorreu, por exemplo, no caso da formação das células responsáveis pela defesa de nosso organismo (Burns e Boeke 2012). Embora a regulação epigenética possa ter evoluído para suprimir a mobilização de ETs e de sequências virais, existem muitos exemplos de que

esse processo parece ter sido cooptado para uma variedade de funções tanto em plantas quanto em animais. A hipótese de que os ETs funcionam como uma fonte de novidades é baseada no fato de que eles devem promover a sua inserção em outras partes do genoma antes de serem reconhecidos e silenciados (Lisch e Bennetzen 2011).

A ordem Lepidoptera foi identificada como o grupo de insetos que evoluiu mais rapidamente. Esses organismos também possuem importância econômica, pois muitas lagartas são consideradas prejudiciais na agricultura e podem causar danos sérios às lavouras. Através de análises do genoma de *Bombyx mori* (Lepidoptera: Bombycidae), foi identificada uma série de TH de genes através de mediadores bacterianos que normalmente seriam considerados patógenos dessa mariposa. Foram identificados diversos casos de TH e duplicações que ocorreram após a transferência e que raramente são relatadas em organismos complexos. Esses eventos parecem ser bastante antigos e teriam ocorrido antes da radiação de Lepidoptera afinal estão presentes em diferentes espécies de borboletas não relacionadas proximamente (*Danaus plexippus*, *Heliconius melpomene*) e mariposas (*Bombyx mori*) (Sun *et al.* 2013).

As transferências de genes funcionais podem auxiliar as espécies a ampliar seus nichos, adquirir novos hábitos alimentares e poder sobreviver em condições ambientais que seriam letais (Mitreva *et al.* 2009). Os padrões de transferência entre *H. melpomene*, *D. plexippus* e *B. mori* são distintos, o que indicaria que ou teriam sido perdidos logo após o evento de transferência mais antigo, ou que eventos de transferência mais recentes ocorreram após a radiação dessas espécies. Os genes co-optados por essas espécies tem principalmente funções metabólicas de aminoácidos, lipídeos e açúcares. Foi analisado também que existe um padrão de expressão dos genes que foram transferidos horizontalmente diferenciado de acordo com o tecido. Túbulos de Malpighi apresentam maior expressão de genes *Cys* e *GH31* que estão associados com vias de detoxificação (Sun *et al.* 2013).

O gênero *Heliconius*

Este gênero compreende mais de 40 espécies de borboletas com uma ampla variação de subespécies geográficas. Muitas delas apresentam distribuição em anéis miméticos compostos por indivíduos impalatáveis, o que as torna organismos modelo ideais para pesquisas genéticas e de desenvolvimento (Joron *et al.* 2006). Também tem

sido amplamente utilizadas como modelos para pesquisa evolutiva, ecológica e comportamental. São importantes para o estudo de linhagens divergentes e que repetidamente convergem para um padrão de cores, o que levou Bates a caracterizar o mimetismo que mais tarde levaria o nome de “mimetismo Batesiano” (Merril *et al.* 2015). Essas colorações de alerta ajudam a evitar predadores visualmente orientados, já que os sinais compartilhados servem de aviso ao predador sobre a sua toxicidade e impalatabilidade (Benson 1972, Brown 1981). Esse mimetismo encontrado entre espécies impalatáveis é conhecido como mimetismo Mülleriano (Müller 1879). A primeira tribo de Heliconiini teria se originado há 24,8-29,0 milhões de anos (Ma), sendo o gênero *Heliconius* aquele que possui o maior número de espécies, e o pico de especiação desse gênero teria ocorrido no período do Mioceno Médio (aproximadamente 14 Ma), provavelmente em parapatria e completada em simpatria (Kozak *et al.* 2015). Essas borboletas possuem uma coevolução íntima com plantas –Passifloráceas- que são utilizadas para a ovoposição e alimentação dos estágios larvais sendo, portanto, consideradas organismos oligofágicos, ou seja, se alimentam de um grupo restrito de plantas durante os primeiros estágios larvais (Sbordoni e Forestiero 1984). As *Passiflora* possuem compostos cianogênicos que são conhecidos por serem tóxicos aos herbívoros e que são liberados pela planta quando ocorre algum dano à folha. Indicações adicionais levam a crer que *Heliconius* tenham evoluído uma competência enzimológica para lidar com os compostos dessas plantas provavelmente como uma resposta coevolutiva (Spencer 1988). Em *Heliconius sara*, foi mostrado que esses organismos parecem ter adquirido uma rota metabólica adicional que permite que elas sequestram epivolcenina das *Passiflora auriculata*. Adicionalmente, alguns desses organismos têm a capacidade de síntese *de novo* de compostos de glicosídeos cianogênicos derivados de linamarina e lotaustralina. Isso adiciona um outro nível de complexidade na coevolução desses animais com suas plantas hospedeiras (Engler 2000).

Em um estudo realizado em 2008, duas espécies analisadas, *Heliconius erato* e *Heliconius melpomene* apresentaram 26% e 20% respectivamente, de presença de elementos repetitivos nos seus genomas. A maior parte dessas sequências parece ser bastante nova e não tinha nenhuma similaridade com as sequências presentes em genomas de outros insetos depositados em bancos de dados (Papa *et al.* 2008). Em uma análise mais geral, entre essas duas espécies de heliconíneos e *Bombyx mori*, averiguou-se que a

estrutura do genoma em Macrolepidoptera (não é uma categoria natural; abriga mariposas grandes e borboletas – o critério é apenas de tamanho corporal) é bastante conservada, já que apresentam distâncias muito similares entre os genes. Um outro achado indica que as borboletas *H. erato* possuem um genoma cerca de 30% maior do que o genoma de *H. melpomene*. Isso é devido a presença de ETs que duplicaram de modo diferenciado nessas espécies. Essas duas espécies também mostraram ter 16 elementos repetitivos novos e únicos do gênero *Heliconius*, sendo representados principalmente por SINES (*short interspersed nuclear elements*) ou MITEs (*miniature inverted-repeat terminal elements*). Uma variação desses elementos provavelmente é devido aos processos de duplicações após as suas inserções seguidos de degradação mutacional (Papa *et al.* 2008).

Já na pesquisa publicada por Lavoie e colaboradores (2013) teve resultados um pouco diferenciados do mencionado acima, onde os dados indicam que *H. melpomene* tem aproximadamente 25% do genoma composto por elementos transponíveis, sendo que 12% é da classe de retrotransposons não-LTR (*non-long terminal repeats*), da classe SINE e família *Metulj*, e cerca de 10% do genoma tem transposons de DNA, dominados pela família *Helitrons*, mas com presença de *Mariner*, *Tc3*, *PiggyBac*, *hobo/Ac/Tam*. Uma menor parte desse genoma é constituída por elementos LTR das famílias *Gypsy* e *Copia* (Lavoie *et al.* 2013).

Uma análise comparada das famílias e ETs nos genomas de Heliconíneos pode nos trazer mais luz sobre como a evolução desses organismos pode ter ocorrido. Atualmente existem 15 genomas de borboletas desse gênero depositados em banco de dados o que fornece uma rica fonte de material de pesquisa para análises comparativas de ETs.

OBJETIVO GERAL

Analisar a presença de elementos transponíveis nos genomas de borboletas do gênero *Heliconius* que se encontram depositados em bancos de dados. Averiguar se existe alguma similaridade entre os elementos já descritos com as sequências depositadas para avaliar possíveis pistas sobre a evolução dos genomas desses organismos e suas interações evolutivas que podem ter contribuído com a especiação dessas borboletas.

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Análise *in silico* de determinadas famílias de elementos transponíveis e suas interações dentro desses genomas hospedeiros-alvo.
- Análise *in silico* da comparação dos ETs descritos para *H. melpomene* com organismos não pertencentes ao gênero.
- Buscar *in silico* elementos de transposição que possam ter sido cooptados através de transferência horizontal e que possam estar correlacionados a genes envolvidos nas diferentes vias metabólicas importantes desses organismos.
- Fazer uma descrição da presença de elementos transponíveis que estejam presentes nos genomas das outras espécies de *Heliconius* que já se encontram depositados em banco de dados.
- Realizar comparações sobre a evolução dessas espécies de borboletas e evidenciar as interações entre os genomas e os elementos transponíveis presentes nesses genomas.

MATERIAL E MÉTODOS

Os dados referentes as sequências de ETs foram obtidos através do bancos de dados RepBase (<https://www.girinst.org/rebase/>), através da busca de elementos transponíveis já descritos para borboletas do gênero *Heliconius*. Até a presente data apenas foram descritos e depositadas sequências de elementos transponíveis de borboletas *Heliconius melpomene*. Um total de 261 elementos transponíveis das diferentes classes foram obtidos e analisados pela ferramenta Blastn do NCBI (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) para averiguar a ocorrência em genomas de borboletas de outras espécies do gênero. Dentro desses elementos presentes no RepBase alguns elementos descritos foram identificados em nível de família ou subfamília pelos seus autores, porém outros não foram possíveis de determinar uma identificação mais acurada resultando, portanto, em alguns elementos que possuem nomes referentes as suas classes. Por exemplo, alguns elementos que foram denominados apenas como DNA (*DNA-like-1_Hmel*, *DNA-like-3_Hmel*), outros que foram denominados apenas como LTR (*LTR-2_Hm*, *LTR-4_Hm*). Os elementos encontrados no banco de dados foram analisados pelo Blastn em relação a uma busca mais geral com todos os organismos que se encontram depositados no banco de dados. Para ambas as análises de Blastn foram considerados apenas aquelas sequências que tiveram alguma significância estatística com

valor de *Expected value* (E-value) igual ou menor que $1e-10$. Apenas a primeira série (*range*) de cada uma das sequências foi considerada. As sequências que tiveram essa similaridade com as sequências de ETs já descritos foram baixadas para as análises posteriores. Foram considerados os resultados de Blastn em que as sequências tinham um tamanho mínimo de 150 pares de bases. As sequências utilizadas para o presente trabalho tiveram seus nomes convertidos a fim de tornar mais fácil a compreensão dos resultados. Para isso, cada uma das sequências foi renomeada utilizando como critério a espécie da qual ele é proveniente e um número sequencial para a sua distinção. O mesmo procedimento foi efetuado para cada sequência de cada espécie que surgiu como dado nesse estudo. Os dados originais da análise do Blastn referentes aos nomes originais de cada sequência, número de acesso dessa sequência ao *GenBank* e o nome criado para cada uma dessas sequências que foi utilizado nesse estudo encontram-se no material suplementar das Tabela Suplementar 1 (para dados de sequências referentes as borboletas *Heliconius*) e Tabela Suplementar 2 (para dados referentes a outros organismos). Exemplo: a sequência cujo nome original era “H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_AEHM-29B7_complete_sequence”, possui número de acesso CU463862 ao “*GenBank*” e recebeu a denominação de “*H. melpomene* (1)”. Outras sequências que fossem relacionadas a espécie *H. melpomene* que surgiram nos resultados de Blastn foram anotadas e renomeadas como “*H. melpomene* (2)”, “*H. melpomene* (3)” e assim sucessivamente. Os nomes convertidos aparecerão nas análises de Blastn, nos resultados de distâncias entre as sequências e agrupamentos de sequências quando for oportuno. Os resultados de Blastn das famílias de ET se encontram nas Tabelas Suplementares que são referenciadas de acordo com a abordagem dos resultados.

Para as análises de distâncias e agrupamentos de sequências foi utilizado o programa MEGA versão 7 (Kumar *et al.* 2016). Os alinhamentos, o cálculo dessas distâncias e os agrupamentos de sequências foram efetuados com o auxílio desse programa. Para o alinhamento das sequências foi utilizado a ferramenta MUSCLE (Edgar 2004) do MEGA. Foi encontrado o melhor modelo evolutivo (dentro dos disponíveis no programa: Jukes e Cantor 1969, Tamura 1992, Kimura de dois parâmetros, Hasegawa, Kishino e Yano 1985, Tamura e Nei 1993 e GTR - *Generalised time-reversible model of Tavaré* 1986) que se aplicaria a cada conjunto de dados alinhados, e a partir desses

modelos foram feitas análises de distâncias entre as sequências e a construção de agrupamentos das sequências através de Neighbor-Joining com bootstrap de 10.000 e uso de sequências de outros lepidópteros (por exemplo: *Bombyx mori*, *Janiodes laverna*, *Lamproptera curius*) como grupo externo. Apenas as sequências que tiveram um melhor alinhamento e aos agrupamentos com valores de consenso mais alto foram considerados nesse trabalho. Consensos com valores inferiores a 50 foram omitidos nos agrupamentos. Os dados serão apresentados indicando quais os elementos que foram utilizados junto com as sequências dos organismos que parecem ser relacionadas a eles, seguida de valores de similaridades ou distâncias que foram encontradas entre as sequências em porcentagem.

Foi feita uma busca de genomas no NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/>) utilizando como filtro a busca por *Heliconius*. O resultado dessa busca revelou 16 itens, sendo que um deles é referente ao genoma de *iflavirus* de *Heliconius erato* que não foi utilizado nesse trabalho. Os demais 15 genomas eram relacionados as espécies: *Heliconius numata*, *Heliconius melpomene*, *Heliconius timareta*, *Heliconius pardalinus*, *Heliconius cydno*, *Heliconius ismenius*, *Heliconius hecale*, *Heliconius hecuba*, *Heliconius elevatus*, *Heliconius ethilla*, *Heliconius pachinus*, *Heliconius xanthocles*, *Heliconius wallacei*, *Heliconius hierax* e *Heliconius heurippa*.

A escolha dos genomas levou em consideração o tipo de sequenciamento que foi executado (foi escolhido o sequenciamento executado em Illumina Hiseq), se as sequências eram ou não pareadas (foi escolhido apenas aqueles genomas que eram pareados, visto que isso é necessário para executar as análises posteriores e que resultam em dados mais seguros) e anotado o número de *RUN* para executar o *download* via FTP com auxílio da ferramenta SRAtoolkit que que é disponibilizado pelo portal do NCBI posteriormente. Os genomas foram baixados em formato Fastq, que é um formato que tem dados adicionais em relação a qualidade da sequência, onde existem escores de qualidade que permitem a análise de variações e mutações na sequência. O número de “*Biosample*” e “*Bioproject*” relacionados a cada genoma, gênero, espécie, subespécie (quando houver), SRA (*Sequence Read Archive*), número de *RUN* e a localidade da captura de cada uma das amostras também foram anotados e essas informações dos genomas que foram baixados encontram-se na Tabela Suplementar 3. Esses genomas não-processados foram enviados para o *webservice* RepeatExplorer da plataforma Galaxy

(<https://galaxy-elixir.cerit-sc.cz>), para a utilização das ferramentas de pré-processamento dos mesmos.

Na plataforma Galaxy os arquivos em formato fastq são pré-processados utilizando a leitura pareada que ocorre em paralelo e apenas os pares completos são mantidos. Ocorre o corte, filtragem de qualidade, filtragem de corte e entrelaçamento das sequências, onde os pares quebrados são descartados para as análises posteriores. O pré-processamento dos dados é necessário para iniciar o processo de análise de agrupamentos que permite a identificação de grupos derivados de elementos repetitivos através de uma abordagem de comparação por Blast de todos os reads contra todos. Esses grupos são então agrupados de acordo com a sua proporção no genoma e de acordo com a similaridade com elementos transponíveis e domínios de proteínas. Após esse pré-processamento de dados foi utilizada a ferramenta RepeatMasker da Plataforma Galaxy para a procura de sequências repetitivas através de homologia com os ETs que estão disponíveis em banco de dados. Esses resultados do *webservice* permite ter uma idéia da proporção de elementos transponíveis e quais as famílias estão presentes dentro dos genomas que são analisados. (Silva A *et al.* 2016, Novák *et al.* 2010, Novák *et al.* 2013).

RESULTADOS

Análise da Presença de Elementos Transponíveis nos genomas disponíveis de espécies de Heliconius.

Foram descritos e depositados no RepBase apenas sequências de elementos transponíveis da borboleta *Heliconius melpomene*. As listas completas com os nomes de todos os elementos transponíveis de ambas as classes que foram utilizados nesse trabalho encontram-se nos anexos 1 e 2. As sequências apresentadas nesses dados possuem seus nomes convertidos de acordo com as Tabelas Suplementares 1 e 2. Essas superfamílias de ETs que podem ser classificados em:

Elementos de Classe I: 15 *LTR*, 3 *Copia*, 27 *Gypsy*, 4 *Bel-Pao*, 16 *Jockey*, 4 *I*, 25 *RTE*, 2 *Penelope*, 15 *L2*, 1 *Vingi*, 1 *Utopia*, 8 *R1*, 4 *R4*, 8 *Metulj*, 18 *CRI*, 8 *Daphne*, 11 *Kiri*, 4 *Proto2*.

Elementos de classe II: 16 Transposons de *DNA*, 31 *tcI-Mariner*, 12 *hAT*, 12 *PiggyBac*, 23 *Helitron*, 1 *REP*.

Elementos de Classe I

Das 18 famílias de elementos transponíveis de Classe I que foram analisadas houve sete famílias que parecem ser restritas a *H. melpomene*. Na análise dentro do gênero *Heliconius*, os resultados mostram que 19 dos 174 elementos de Classe I puderam ser encontradas no genoma de outras espécies do mesmo gênero. Isso resulta em cerca de 10,9% dos elementos de Classe I que foram descritos para *H. melpomene* com semelhança com as sequências que podem ser encontradas em borboletas do mesmo gênero. Os elementos de Classe I que pertencem às superfamílias, *I*, *RTE*, *Gypsy* e *LTR*, *CRI*, *Daphne*, *R1*, *R4*, *Dong*, e *Proto2* obtiveram similaridades acima de 90% com sequências de *Heliconius numata*, *H. erato* e também similaridades com as sequências de *Heliconius* das subespécies *H. erato emma* e *H. erato favorinus*. Apenas um elemento da família *SART* obteve similaridade de 89.9% em relação a uma sequência de *H. erato*. Figuras a respeito dos resultados de agrupamentos das sequências foram adicionadas apenas quando elas foram informativas. O resumo dos resultados em relação as sequências de elementos de Classe I em relação as sequências de outras *Heliconius* se encontra na Tabela 1.

Tabela 1- Elementos de Classe I analisados e sequências homólogas detectadas em espécies do gênero *Heliconius*.

Elemento	Similaridade de ETs (%)
<i>RTE-10-Hmel</i>	<i>H. erato</i> = 91,3
<i>RTE-18-HMM</i>	<i>H. numata</i> = 97,9
<i>RTE-11-HMM</i>	<i>H. numata</i> = 99,9
	<i>H. melpomene</i> = 96,2

<i>Gypsy-10-HMM-I</i>	<i>H. numata</i> =98,0
<i>Gypsy-10-HMM-LTR</i>	<i>H. numata</i> =95,2
<i>Gypsy-12-Hm</i>	<i>H. numata</i> =97,8-98,0
<i>Gypsy-14-Hmel-I</i>	<i>H. erato favorinus</i> =95,4-95,6
	<i>H. erato emma</i> = 95,6
<i>LTR-5-Hm</i>	<i>H. numata</i> = 98,6 (2x)
<i>LTR-13-Hm-LTR</i>	<i>H. numata</i> =91,2 - 91,4
<i>SART-1-HMM</i>	<i>H. erato</i> = 89,9
<i>SART-1B-HMM</i>	<i>H. erato</i> = 90,2
<i>R4-1-HMe</i>	<i>H. numata</i> = 95,1– 96
	<i>H. melpomene</i> = 96,6 – 99,6
<i>Dong-1-HMM</i>	<i>H. numata</i> = 92
<i>Proto2-3-Hmel</i>	<i>H. numata</i> = 95
<i>CR1-1-HMM</i>	<i>H. erato</i> = 91,5
<i>Daphne-1-Hmel</i>	<i>H. numata</i> = 98,5
<i>Daphne-2-Hmel</i>	<i>H. numata</i> = 95,2 – 96,8
	<i>H. melpomene</i> = 95,5 – 97,2
<i>I-1_Hmel</i>	<i>H. numata</i> = 98,5
<i>I-2B_HMM</i>	<i>H. numata</i> = 81,1

Famílias *Metulj*, *Penelope*, *Copia*, *Vingi* e *Utopia* – Restritas à *H. melpomene*

Essas cinco superfamílias têm resultados que indicam que elas sejam restritas a espécie em que foram descritas, não sendo encontradas em nenhuma outra espécie de *Heliconius* que está disponível até a presente data. A superfamília *Metulj* é composta por oito elementos. A família *Penelope* é formada por dois elementos. A família *Copia* tem três elementos que foram descritos. As famílias *Vingi* e *Utopia* possuem sequências

únicas que foram descritas para essas superfamílias. Todos esses elementos foram analisados. Os resultados de Blastn em relação a essas sequências, numa busca dentro do gênero *Heliconius*, não resultou em nenhuma sequência homóloga nas outras espécies do gênero *Heliconius*, a não ser *H. melpomene*. Esse achado indica que essas famílias são compostas por elementos que são restritos a essa espécie. Entre os elementos transponíveis com longas repetições terminais existem três grupos que podem ser divididos a grosso modo: *Gypsy*, *Copia* e *Pao-Bel*. Já foi verificado que retroelementos LTR são importantes nos genomas de *B. mori*, e o levantamento desses elementos evidenciou que TH pode ter ocorrido durante a história evolutiva desses organismos enquanto ocorria a sua domesticação, com elementos *Gypsy* tendo uma história evolutiva mais antiga dentro dos genomas desses lepidópteros, e com algumas famílias de *Copia* e *Pao-Bel* apresentando idades mais antigas e mais recentes (Jin-Shan *et al.* 2005). *Penelope* também é um retrotransposon não LTR e está relacionado com o primeiro caso de TH entre plantas e animais que teria ocorrido há cerca 1,600 milhões de anos, e outro estudo indicou a TH de *penelope*-like entre as espécies ancestrais de coníferas e artrópodes que teria ocorrido há cerca de 340 milhões de anos (Gao *et al.* 2017).

Família L2

A família L2 pertence a classe de retroelementos não LTR da ordem LINE e ocupam cerca de 0,41% do genoma de *H. melpomene* (Lavoie *et al.* 2013). A superfamília L2 possui 15 elementos que foram analisados e não teve resultados de Blastn em relação a sequências de outras *Heliconius*, exceto por dois deles (L2-4_Hmel e L2-10_Hmel) que apresentaram resultados de Blastn cada um com relação a sequências únicas de *H. numata*. Mas quando essas sequências foram avaliadas no MEGA, os valores de distância foram muito altos entre as sequências das borboletas em relação as sequências dos elementos transponíveis.

Família RTE

Os elementos RTE são retroelementos não LTR que são amplamente distribuídos entre os animais. O primeiro elemento RTE a ser caracterizado foi a partir da análise de

Caenorhabditis elegans (Secernentea: Rhabditida). Possuem ORFs (*Open-reading frame* – quadro de leitura aberto) de domínios de endonucleases e de transcriptase reversa. Possuem regiões 3' muito curtas, compostas predominantemente por trímeros, tetrâmeros ou pentâmeros de repetições de AT (Malik *et al.* 1998).

Foram analisados 25 elementos pertencentes a família *RTE* descritos para *H. melpomene*. A análise desses 25 elementos mostrou que apenas três elementos tiveram similaridades em relação as sequências provenientes dos genomas de *H. erato*, *H. numata* e *H. melpomene* (Tabela Suplementar 4). Dois desses elementos, *RTE-10-Hmel* e *RTE-18-HMM* resultaram similaridades com sequências únicas, enquanto que o elemento *RTE-11-HMM* obteve mais sequências com similaridades em relação ao ET.

O elemento *RTE-10-Hmel* obteve apenas uma sequência pertencente a espécie *H. erato* e teve similaridade de 91,3% em relação a sequência do ET. Já o elemento *RTE-18-HMM*, que também obteve em seus resultados apenas uma única sequência, *H. numata* cuja similaridade foi de 97,9%.

Já em relação a análise de similaridade do *RTE-11-HMM*, que consta na Tabela 2, as sequências de *H. melpomene* não obtiveram nesses resultados nenhuma distância entre si, sendo portanto idênticas. Essas sequências de *H. melpomene* tiveram a distância de apenas 3,9% em relação a sequência de *H. numata*. A similaridade das sequências encontradas em *H. melpomene* em relação a sequência do ET foi de 96,2%. A sequência proveniente de *H. numata* (2) apresentou uma alta similaridade em relação ao ET com valor de 99,9% de similaridade, embora esse elemento tenha sido descrito em *H. melponene*. A Figura 1 mostra o agrupamento das sequências em relação ao *RTE-11-HMM*, o que resultou no agrupamento das sequências de *H. melpomene* entre si e a união do ET com a *H numata* (2).

Tabela 2- Resultados da análise de distâncias entre as sequências em relação ao *RTE-11-HMM*

	1	2	3	4
1 <i>RTE-11_HMM</i>				
2 <i>H. numata</i> (2)	0.001			
3 <i>H. melpomene</i> (26)	0.038	0.039		
4 <i>H. melpomene</i> (27)	0.038	0.039	0.000	

5	<i>H. melpomene</i> (25)	0.038	0.039	0.000	0.000
---	--------------------------	-------	-------	-------	-------

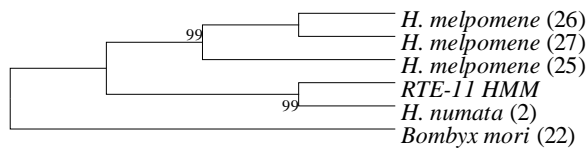


Figura 1- Agrupamento de seqüências em relação ao elemento *RTE-11-HMM*.

Família *Gypsy*

A família *Gypsy* pertence aos retrotransposons LTR e ocupam cerca de 0,21% do genoma de *H. melpomene* (Lavoie *et al.* 2013). A família *Gypsy* possui 27 elementos descritos. Desses 27 elementos, quatro elementos apresentaram similaridades em relação as seqüências de outras *Heliconius*. Os elementos *Gypsy-10_HMM-I*, *Gypsy-10_HMM-LTR* e *Gypsy-12_Hm* apresentaram similaridades maiores que 95% em relação a seqüências únicas provenientes de *H. numata*, e seus valores de similaridades podem ser encontrados na Tabela 1. Os resultados de Blastn desses elementos podem ser consultados na Tabela Suplementare 5.

Apenas o elemento *Gypsy-14_Hmel* apresentou resultados de similaridades em relação as seqüências provenientes de *H. erato emma* e *H. erato favorinus*. As três seqüências de *H. erato favorinus* e a seqüência de *H. erato emma* são idênticas entre si e as similaridades entre essas seqüências de *Heliconius* em relação ao elemento transponível varia de 95,4% - 95,6%.

Família *LTR*

Os retrotransposons (LTR) que foram descritos para *H. melpomene* ocupam uma pequena parte do genoma, apenas 0,45% (Lavoie *et al.* 2013). A família *LTR* é composta por 15 elementos. Apenas dois desses elementos tiveram alguma similaridade em relação

a sequências provenientes de outras *Heliconius*. Os elementos *LTR-5_Hm* e *LTR-13_Hm* apresentaram similaridades com sequências de *H. numata*. Os resultados de Blastn referentes a esses elementos podem ser consultados na Tabela Suplementar 6.

O resultado da análise da distância do *LTR-5_Hm* mostrou que as duas sequências de *H. numata* não tiveram nenhuma diferença entre si e, portanto, são idênticas, e as duas tem uma similaridade de 98,6% com a sequência do ET *LTR-5_Hm*. De modo similar ao que ocorreu na análise de *LTR-5_Hm*, as duas sequências de *H. numata* tem uma similaridade em torno de 91,4% - 91,6% em relação a sequência do ET e também foram muito semelhantes entre si, porém a similaridade aqui encontrada entre essas duas sequências de *H. numata* é 99,8%.

Família *R1*

Assim como outros elementos não LTR mencionados nesse estudo, essa família também é um LINE (Lavoie *et al.* 2013). A família *R1* é composta por oito elementos que foram analisados. Desses oito elementos, apenas dois deles apresentaram resultados em relação a sequências únicas provenientes de outras *Heliconius*. Os dois elementos que mostraram essa similaridade são os elementos *SART-1-HMM* e *SART-1B-HMM*. Essas duas sequências demonstraram ter similaridades em relação a sequências de *H. erato* com valores de 89,9% e 90,2%, respectivamente. Os resultados de Blastn podem ser verificados na Tabela Suplementar 7.

Família *R4*

A família *R4* também é um LINE. Nos genomas de *H. melpomene* praticamente não existem LINEs antigos que estejam intactos, o que indica que esses elementos ou tiveram um curto período de atividade dentro desses genomas, ou que eles estejam sofrendo uma rápida remoção. Essa e outras famílias de LINEs descritos para *H. melpomene* foram identificadas e classificadas a partir de dados obtidos de *B. mori* (Lavoie 2013). A família *Dong* foi descrita em *B. mori* em 1993, como uma sequência de mais de 4,000pb, possuindo uma única ORF composta por cerca de 1,233pb e que possui

similaridade com transcriptase reversa (Xiong *et al.* 1993). A família *R4* é composta por quatro elementos descritos. O elemento *Dong-1-HMM* apresentou similaridade em relação a uma única sequência proveniente de *H. numata*. O valor de similaridade encontrado nessa análise foi de 92%. Já o elemento *R4-1_HMe* teve correspondência em relação a sequências de *H. numata* e de *H. melpomene*. A Tabela 3 mostra os resultados referentes ao elemento *R4-1_HMe* e a Figura 2 possui a imagem referente ao agrupamento dessas sequências. Em relação a esses dados, pode-se afirmar de acordo com a análise de distâncias mostrada na Tabela 3 que há uma pequena distância e conseqüentemente alta similaridade entre todas as sequências provenientes das borboletas. A sequência de *H. melpomene* (10) é que possui a menor similaridade dentre as sequências de *Heliconius* em relação ao ET *R4-1_Hme*, com valor de 91,4%. A sequência que possui maior similaridade em relação ao ET é a *H. melpomene* (50), com 99,6%. As sequências de *H. melpomene* (7) e *H. melpomene* (40), que tem similaridade de 99% em relação ao ET e são idênticas entre si. As duas sequências de *H. numata* (10) e (9) são idênticas entre si, possuem similaridade de 95,1% em relação ao ET e possuem similaridade de 98,7% em relação a sequência de *H. numata* (5), que por sua vez, possui similaridade de 96% em relação ao ET. Os resultados de Blastn referentes as análises desses elementos podem ser consultados na Tabela Suplementar 8.

Tabela 3- Resultados da análise de distâncias entre as sequências em relação ao *R4-1_HMe*

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1 <i>R4-1_HMe</i>									
2 <i>H. melpomene</i> (10)	0.086								
3 <i>H. numata</i> (5)	0.040	0.086							
4 <i>H. numata</i> (9)	0.049	0.089	0.013						
5 <i>H. numata</i> (10)	0.049	0.089	0.013	0.000					
6 <i>H. melpomene</i> (2)	0.034	0.112	0.072	0.079	0.079				
7 <i>H. melpomene</i> (38)	0.024	0.101	0.058	0.065	0.065	0.039			
8 <i>H. melpomene</i> (50)	0.004	0.086	0.040	0.049	0.049	0.034	0.020		

9	<i>H. melpomene</i> (40)	0.010	0.089	0.042	0.049	0.049	0.032	0.022	0.010
10	<i>H. melpomene</i> (7)	0.010	0.089	0.042	0.049	0.049	0.032	0.022	0.010

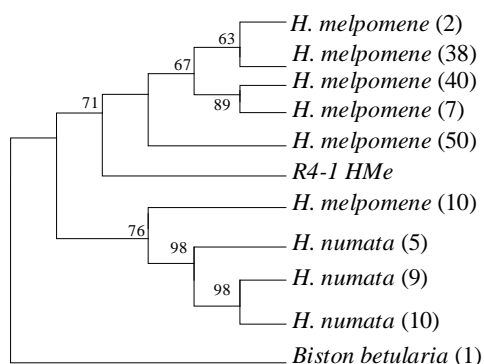


Figura 2- Agrupamento de sequências em relação ao elemento *R4-1_HMe*

Família *Proto2*

A família *Proto2* pode ser classificada como um retrotransposon não LTR, LINE. Elementos LINE podem ser responsáveis pela transposição de elementos SINE não autônomo (Xu *et al.* 2013). A família *Proto2* possui quatro elementos descritos. Desses quatro elementos, apenas o elemento *Proto2-3_Hmel* apresentou resultados em relação a sequências provenientes de *H. numata*. As duas sequências de *H. numata* (9) e (10) não possuem distâncias entre si. As duas sequências de *H. numata* possuem a mesma similaridade de 95% em relação ao ET *Proto2-3_Hmel*. A análise de Blastn referente a esse elemento pode ser consultada na Tabela Suplementar 9.

Família *CRI*

Os elementos *CRI* foram encontrados pela primeira vez nos genomas de galinhas (*chicken repeat 1*). São elementos que tem uma região terminal 3' muito variável e uma porção 5' truncada e codificam transcriptase reversa e endonuclease que os caracteriza como sendo retrotransposons não LTR (Burch *et al.* 1993). A família *CRI* descrita para *H. melpomene* possui 18 elementos descritos que foram analisados. Desses 18 elementos, apenas um, *CRI-1-HMM*, apresentou similaridade com uma sequência

única. Essa sequência foi proveniente de *H. erato* e mostrou uma similaridade de 91,5% com o ET. O resultado de Blastn dessa análise pode ser averiguado na Tabela Suplementar 10.

Família *Daphne*

Daphne são elementos não LTR, pertencentes a ordem LINE e ocupam cerca de 0,45% do genoma de *H. melpomene* (Lavoie *et al.* 2013). A família *Daphne* é composta por oito elementos. Desses oito elementos, apenas dois obtiveram resultados em relação as sequências provenientes de outras *Heliconius*, que são os elementos *Daphne-1_Hmel* e *Daphne-2_Hmel*. Dados referentes a análise de Blastn executada com esses elementos podem ser consultados na Tabela Suplementar 11.

O elemento *Daphne-1_Hmel* apresentou similaridades apenas com uma sequência única provenientes de *H. numata*. Essa sequência do ET apresentou similaridade de 98,5% em relação a essa sequência de *H. numata*.

A Tabela 4 mostra os resultados da análise de similaridade do ET *Daphne-2_Hmel* com as sequências de *Heliconius* e a imagem referente ao agrupamento dessas sequências está disponível na Figura 3. As sequências de *H. numata* tem uma similaridade com a sequência do ET que varia de 95,2% até 96,8%. As sequências de *H. melpomene* tem uma similaridade em relação ao ET de 95,5% até 97,2%. Todas as sequências entre as duas espécies de *Heliconius* tem similaridades que variam de 91,4% - 95,4%. Como pode ser observado na Figura 3, o resultado referente a análise de similaridade das sequências do ET *Daphne-2_Hmel* em relação as sequências de *Heliconus* formam dois grupos principais, envolvendo tanto as sequências tanto de *H. melpomene* quanto de *H. numata*.

Tabela 4 - Resultados da análise de distâncias entre as sequências em relação ao *Daphne-2_Hmel*

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1 <i>Daphne-2_Hmel</i>												
2 <i>H. melpomene</i> (50)	0,045											
3 <i>H. melpomene</i> (39)	0,042	0,091										
4 <i>H. melpomene</i> (40)	0,042	0,091	0,000									
5 <i>H. numata</i> (4)	0,042	0,041	0,079	0,079								

6	<i>H. numata</i> (13)	0.033	0.082	0.046	0.046	0.069						
7	<i>H. numata</i> (8)	0.048	0.053	0.086	0.086	0.040	0.080					
8	<i>H. numata</i> (14)	0.035	0.033	0.077	0.077	0.022	0.068	0.042				
9	<i>H. numata</i> (2)	0.033	0.030	0.071	0.071	0.029	0.068	0.036	0.020			
10	<i>H. melpomene</i> (7)	0.028	0.058	0.075	0.075	0.052	0.064	0.060	0.047	0.047		
11	<i>H. numata</i> (7)	0.032	0.035	0.069	0.069	0.028	0.066	0.039	0.020	0.013	0.045	
12	<i>H. melpomene</i> (56)	0.032	0.073	0.042	0.042	0.066	0.027	0.074	0.065	0.069	0.061	0.067
13	<i>H. melpomene</i> (9)	0.030	0.075	0.043	0.043	0.065	0.026	0.072	0.063	0.067	0.059	0.066

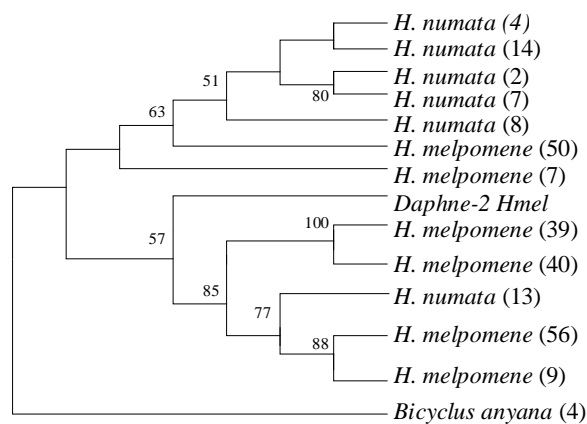


Figura 3- Agrupamento de seqüências em relação ao elemento *Daphne-2_Hmel*.

Família I

A família I é uma família de retrotransposons autônomo não LTR da ordem LINE (Xu et al. 2013). A família I possui quatro elementos descritos e analisados. Desses quatro elementos, dois deles resultaram em seqüências únicas provenientes de *H. numata* na análise de Blastn. Os resultados de Blastn referentes aos dois elementos, *I-1-Hmel* e *I-2b_HMM*, podem ser consultados na Tabela Suplementar 12. Esses elementos apresentaram similaridades de 98,5% e 81,1%, respectivamente, com as seqüências de *H. numata*.

Elementos de Classe II

Os resultados das análises em relação as sequências de ETs de Classe II com as sequências de *Heliconius* são resumidos na Tabela 5. Dos 95 elementos descritos 28 apresentaram resultados em relação aos genomas de outras *Heliconius*. Isso corresponde a cerca de 29,4% dos elementos que apresentaram similaridade em relação as sequências de outras espécies do mesmo gênero.

Tabela 5- Elementos de Classe II detectados nos genomas de espécies do gênero *Heliconius* e Resultados de similaridades (%).

Elementos de Classe II	Similaridade de ETs dentro do gênero <i>Heliconius</i> (%)
<i>Nhat-2a_Hmel</i>	<i>H. numata</i> = 94,4 <i>H. melpomene</i> = 95,5 - 99,4
<i>nhat-2b_Hmel</i>	<i>H. numata</i> = 95,9 <i>H. melpomene</i> = 96,2 - 98,9
<i>nhat-2c_Hmel</i>	<i>H. numata</i> = 96,2 <i>H. melpomene</i> = 96,2 - 98,6
<i>npiggyBac-1_Hmel</i>	<i>H. numata</i> = 98,5 <i>H. melpomene</i> = 96,4 - 97
<i>npiggyBac-6_Hmel</i>	<i>H. numata</i> = 85,2 - 90,5 <i>H. melpomene</i> = 95,5 - 95,8
<i>npiggyBac-8_Hmel</i>	<i>H. numata</i> = 93-93,1 <i>H. melpomene</i> = 97
<i>REP-1_HMM</i>	<i>H. numata</i> = 92,4 - 99,1 <i>H. melpomene</i> = 80,4 - 99,1
<i>Helitron-N2_HMM</i>	<i>H. numata</i> = 82,5 - 100 <i>H. melpomene</i> = 93,9 - 97,7

<i>Helitron-N2B1_HMM</i>	<i>H. numata</i> = 97,7 – 99 <i>H. melpomene</i> = 97 – 98,9
<i>Helitron-like-4a_Hmel</i>	<i>H. numata</i> = 95,5 - 97,9 <i>H. melpomene</i> = 94,7 – 99,95
<i>Helitron-like-4b_Hmel</i>	<i>H. numata</i> = 97,3 – 98 <i>H. melpomene</i> = 96,2 – 98,3
<i>Helitron-like-5_Hmel</i>	<i>H. numata</i> = 88,5 - 95,2 <i>H. melpomene</i> = 92,1 – 96,8
<i>Helitron-like-6a_Hmel</i>	<i>H. numata</i> = 95,6-97,3 <i>H. melpomene</i> = 94 – 98,6
<i>Helitron-like-6b_Hmel</i>	<i>H. numata</i> = 95,9-97,4 <i>H. melpomene</i> = 94,5 – 97,5
<i>Helitron-like-7_Hmel</i>	<i>H. numata</i> = 95 <i>H. melpomene</i> = 96,2 – 98,7
<i>Helitron-like-11_Hmel</i>	<i>H. numata</i> = 94,5 - 96,4 <i>H. melpomene</i> = 92,4 – 98,7
<i>Helitron-like-12_Hmel</i>	<i>H. numata</i> = 90,8 <i>H. melpomene</i> = 94,9 – 99,2
<i>Helitron-like-13_Hmel</i>	<i>H. numata</i> = 93,4-98,3 <i>H. erato</i> = 86,2 – 88 <i>H. melpomene</i> = 93,6 – 97,1
<i>DNA-like-6_Hmel</i>	<i>H. numata</i> = 86,3 <i>H. melpomene</i> = 98,8
<i>DNA-like-7_Hmel</i>	<i>H. numata</i> = 98,8
<i>DNA-like-9_Hmel</i>	<i>H. numata</i> = 96,5 <i>H. melpomene</i> = 96,7

<i>DNA-like-10_Hmel</i>	<i>H. numata</i> = 90,5 - 91,2
	<i>H. melpomene</i> = 97,8
<i>Npif-6_Hmel</i>	<i>H. numata</i> = 97,2
	<i>H. melpomene</i> = 98,8
<i>nTc3-1_Hmel</i>	<i>H. numata</i> = 97,8 - 99,6
	<i>H. melpomene</i> = 97 - 98,1
<i>Mariner-4_HMM</i>	<i>H. numata</i> = 99,4
	<i>H. melpomene</i> = 99,4 - 100
<i>nMar-3_Hmel</i>	<i>H. numata</i> = 99,0 - 96,8
	<i>H. melpomene</i> = 98,1 - 99,1
<i>nMar-8_Hmel</i>	<i>H. numata</i> = 98,9
	<i>H. melpomene</i> = 96,5
<i>nMar-9_Hmel</i>	<i>H. numata</i> = 98,2 - 86,1
	<i>H. melpomene</i> = 82,1 - 98,2

Família *hAT*

Os elementos pertencentes a superfamília *hAT* foi o primeiro transposon que foi identificado por Barbara McClintock na década de 40 no milho, e foi por ela denominada como *Activator (Ac)*. O nome *hAT* foi cunhado com as três primeiras letras de elementos que foram encontrados (*hobo* em *Drosophila melanogaster*, *Ac* encontrado no milho, e *Tam3* encontrados na boca-de-leão). Três características tornam os elementos *hAT* diferentes daqueles de outros transposons de DNA: 1) sítio alvo de duplicação de oito nucleotídeos; 2) sequências terminais invertidas com sequência consenso (T/C)A(A/G)NG; 3) uma conservação de dimerização no domínio C terminal. A maior

parte dos elementos dessa superfamília possuem tamanhos inferiores a 4kb, embora existam alguns que sejam muito grandes, como o *Gulliver* com 12kb (Zhang *et al.* 2013).

No gênero *Heliconius* a família *hAT* é composta por 12 elementos. Desses 12 elementos, apenas três apresentaram resultados de similaridades em relação a sequências de outras *Heliconius*. A espécie que aparece nesses resultados é *H. numata* em relação as sequências de elementos *nhAT-2a_Hmel*, *nhAT-2b_Hmel* e *nhAT-2c_Hmel*. Existe uma grande semelhança em relação aos dados conseguidos na análise dessas famílias, visto que os três elementos têm uma proximidade muito grande entre si, ao ponto de serem denominadas com terminações 2a, 2b, 2c. Todas as sequências de *H. melpomene* e de *H. numata* são as mesmas que aparecem nas três análises dessas famílias. As duas sequências de *H. numata* são idênticas entre si quando comparadas com qualquer uma das três sequências dos ETs da superfamília *hAT*. Os resultados de Blastn podem ser verificados na Tabela Suplementar 13.

As distâncias do ET *nhAT-2a_Hmel* em relação as sequências de *Heliconius* se encontra na Tabela 10. As distâncias entre *H. numata* com a sequência do ET tem uma distância de apenas 5,6%. Todas as sequências de *H. melpomene* variam de 95,5% a 99,4% em relação a sequência do ET. Todas as sequências de *H. melpomene* possuem uma pequena distância entre si e em relação as sequências de *H. numata*, com similaridades que variam de 93,4% até 98,2%.

As distâncias entre as sequências do elemento *nhAT-2b_Hmel* com as espécies de *Heliconius* encontra-se na Tabela 11. Aqui, elas têm uma distância em relação ao ET de apenas 4,1%. As sequências de *H. numata* tem uma similaridade em relação as demais sequências de *H. melpomene* que varia entre 93,1% até 95,0%. As sequências de *H. melpomene* tem uma similaridade com a sequência do ET que varia de 96,2% até 98,9%.

As distâncias das sequências de *Heliconius* em relação ao ET *nhAT-2c_Hmel* se encontra disponível na Tabela 12. Aqui as sequências de *H. numata* também tem apenas 3,8% de distância em relação a sequência do ET em questão. Por sua vez, essas sequências tem uma similaridade com as sequências de *H. melpomene* que variam de 93% até 95,4%. As sequências de *H. melpomene* tem uma distância de 96,2% até 98,6% em relação ao ET.

Tabela 10- Resultados da análise de distâncias entre as sequências em relação ao *nhAT-2a_Hmel*

	1	2	3	4	5	6	7	8
1 <i>nhAT-2a_Hmel</i>								
2 <i>H. numata</i> (2)	0.056							
3 <i>H. numata</i> (3)	0.056	0.000						
4 <i>H. melpomene</i> (16)	0.030	0.052	0.052					
5 <i>H. melpomene</i> (46)	0.024	0.062	0.062	0.044				
6 <i>H. melpomene</i> (6)	0.045	0.058	0.058	0.055	0.045			
7 <i>H. melpomene</i> (50)	0.043	0.051	0.051	0.051	0.041	0.039		
8 <i>H. melpomene</i> (39)	0.014	0.066	0.066	0.041	0.037	0.056	0.054	
9 <i>H. melpomene</i> (22)	0.006	0.065	0.065	0.038	0.032	0.051	0.051	0.018

Tabela 11- Resultados da análise de distâncias entre as sequências em relação ao *nhAT-2b_Hmel*

	1	2	3	4	5	6	7	8
1 <i>nhAT-2b_Hmel</i>								
2 <i>H. numata</i> (2)	0.041							
3 <i>H. numata</i> (3)	0.041	0.000						
4 <i>H. melpomene</i> (16)	0.038	0.055	0.055					
5 <i>H. melpomene</i> (46)	0.038	0.062	0.062	0.046				
6 <i>H. melpomene</i> (6)	0.036	0.062	0.062	0.058	0.048			
7 <i>H. melpomene</i> (39)	0.041	0.067	0.067	0.041	0.034	0.057		
8 <i>H. melpomene</i> (22)	0.043	0.069	0.069	0.043	0.033	0.055	0.018	
9 <i>H. melpomene</i> (50)	0.011	0.050	0.050	0.050	0.040	0.041	0.050	0.052

Tabela 12- Resultados da análise de distâncias entre as sequências em relação ao *nhAT-2c_Hmel*

	1	2	3	4	5	6	7	8
1 <i>nhAT-2c_Hmel</i>								
2 <i>H. numata</i> (2)	0.038							
3 <i>H. numata</i> (3)	0.038	0.000						
4 <i>H. melpomene</i> (6)	0.038	0.068	0.068					
5 <i>H. melpomene</i> (50)	0.023	0.046	0.046	0.044				
6 <i>H. melpomene</i> (39)	0.020	0.067	0.067	0.064	0.053			
7 <i>H. melpomene</i> (22)	0.020	0.070	0.070	0.058	0.053	0.017		
8 <i>H. melpomene</i> (16)	0.014	0.061	0.061	0.062	0.047	0.037	0.037	

9 <i>H. melpomene</i> (46)	0.014	0.067	0.067	0.056	0.041	0.031	0.031	0.040
----------------------------	-------	-------	-------	-------	-------	-------	-------	-------

Família *piggyBac*

A família *piggyBac* ocupa cerca de 0,32% do genoma de *H. melpomene* (Lavoie *et al.* 2013). Os elementos *piggyBac* tem uma grande importância na transformação de linhagens germinais de insetos. O primeiro *piggyBac* a ser descrito foi o *IFP2*, encontrado em linhagens de células TN-368 do lepidóptero *Trichoplusia ni* (Lepidoptera: Noctuidae), onde primeiramente ele foi reconhecido como um elemento repetitivo e depois ele foi isolado após a ocorrência da sua transposição para dentro do loco AcNPV FP. Elementos *piggyBac* têm sido encontrados em uma variedade de insetos, alguns elementos são bastante diversos, enquanto outros parecem ter uma alta similaridade dentro de Lepidoptera. A ocorrência de TH nas espécies de dípteros do gênero *Bactocera* (Diptera: Tephritidae) com lepidópteros aparentados também já foi identificada. (Handler *et al.* 2008). Desde então ele teve uma grande importância para a transformação em engenharia genética e passou a ser encontrado em diversos organismos. Estudos têm averiguado a ocorrência de TH entre espécies parasitos e hospedeiras, como o que ocorreu entre o microsporídeo *Nosema bombycis* (Dihaplophasea: Dissociodihaplophasida) e *Bombyx mori* (Pan *et al.* 2013). Tendem a possuir centros catalíticos que são muito conservados em suas transposases. O centro catalítico DDD (D são resíduos conservados de ácido aspártico, E são resíduos de ácido glutâmico) parece ser mais divergente que o centro DDE. O centro DDE pode ser encontrado em diversas transposases e integrases retrovirais. Essas sequências parecem ter sido exaptadas por diferentes genomas hospedeiros para a execução de diferentes funções celulares (Sarkar *et al.* 2003). Os elementos *piggyBac-like* (PLE, transposons similares ao original IFP2 funcional) podem apresentar ampla variedade de suas regiões, com inserções e deleções polimórficas, regiões hipervariáveis, como a região 3' fora do quadro de leitura aberto (ORF), e variações também podem ser encontradas nas regiões ITR (*inverted terminal repeats*) (Luo *et al.* 2014).

A família *piggyBac* de *H. melpomene* é formada por 12 elementos descritos. Desses 12 elementos, apenas três tiveram resultados em relação a outras espécies de *Heliconius*. Sequências provenientes de *H. numata* aparecem nas análises com os

elementos *npiggyBac-1_Hmel*, *npiggyBac-6_Hmel* e *npiggyBac-8_Hmel*. Os resultados de Blastn podem ser verificados na Tabela Suplementar 14.

As distâncias de sequências em relação ao ET *nPiggyBac-1_Hmel* encontram-se na Tabela 13. Todas as sequências de *Heliconius* possuem similaridades entre si, variando de 94,8% até 96,7%, sendo que o valor mais alto é referente a *H. melpomene* (37) em relação a *H. numata* (3). Essas duas sequências tem similaridade de 98,5% em relação ao ET que foi descrito para *H. melpomene*. As demais sequências provenientes de *H. melpomene* tem uma similaridade com *npiggyBac-1_Hmel* que varia de 96,4% - 97%. As similaridades entre as sequências de *H. melpomene* oscilam entre 94,6% - 100%.

Tabela 13- Resultados da análise de distâncias entre as sequências em relação ao *npiggyBac-1_Hmel*

	1	2	3	4	5	6
1 <i>npiggyBac-1_Hmel</i>						
2 <i>H. melpomene</i> (35)	0.036					
3 <i>H. melpomene</i> (19)	0.036	0.049				
4 <i>H. melpomene</i> (20)	0.036	0.049	0.000			
5 <i>H. melpomene</i> (6)	0.030	0.049	0.041	0.041		
6 <i>H. numata</i> (3)	0.015	0.052	0.051	0.051	0.041	
7 <i>H. melpomene</i> (37)	0.015	0.054	0.054	0.054	0.049	0.033

Os resultados de distâncias das sequências em relação ao ET *nPiggyBac-6_Hmel* encontram-se na Tabela 14. As sequências provenientes de *H. melpomene* tem similaridades em relação ao ET com valores que variam de 95,5% até 95,8%, o que é esperado já que esses elementos foram descritos para *H. melpomene*. As duas sequências de *H. numata*, por sua vez, tem distâncias de 85,2% e 90,5% em relação a *nPiggyBac-6_Hmel*, valores que mostram ter uma grande similaridade entre essas sequências. As sequências de *H. numata* possuem uma similaridade entre si de 92,7%. As sequências de *H. melpomene* possuem similaridades em relação as sequências de *H. numata* de valores que variam de 81,7% e 87%. Na comparação entre as sequências de *H. melpomene*, vemos que as sequências (59) e (58) são idênticas entre si e que possuem similaridade de 99,6% e 99,7% em relação as outras duas sequências de *H. melpomene*.

Tabela 14- Resultados da análise de distâncias entre as sequências em relação ao *npiggyBac-6_Hmel*

	1	2	3	4	5	6
--	---	---	---	---	---	---

1	<i>npiggyBac-6_Hmel</i>					
2	<i>H. numata</i> (3)	0.148				
3	<i>H. numata</i> (2)	0.095	0.073			
4	<i>H. melpomene</i> (29)	0.042	0.183	0.131		
5	<i>H. melpomene</i> (59)	0.045	0.182	0.130	0.003	
6	<i>H. melpomene</i> (58)	0.045	0.182	0.130	0.003	0.000
7	<i>H. melpomene</i> (48)	0.043	0.184	0.133	0.001	0.004 0.004

As distâncias referentes ao ET *nPiggyBac-8_Hmel* com as sequências de *Heliconius* se encontram na Tabela 15. A sequência de *H. melpomene* possui maior similaridade em relação ao ET, com valor de 97%, e possui similaridades de 90,1% com *H. numata* (2) e 89,9% em relação a *H. numata* (3). As duas sequências de *H. numata* possuem similaridade de 99,8% entre si e valores de similaridade de 93% e 93,1% quando comparadas com a sequência do ET.

Tabela 15- Resultados da análise de distâncias entre as sequências em relação ao *npiggyBac-8_Hmel*

	1	2	3
1 <i>npiggyBac-8_Hmel</i>			
2 <i>H. numata</i> (3)	0.070		
3 <i>H. numata</i> (2)	0.069	0.002	
4 <i>H. melpomene</i> (47)	0.030	0.101	0.099

Família REP

A família *REP* possui um único elemento descrito, o elemento *REP-1_HMM*. O resultado da análise de similaridade de *REP-1_HMM* encontra-se na Tabela 16 e os resultados de Blastn podem ser consultados na Tabela Suplementar 15. A sequência *H. numata* (5) é a sequência que mais difere na comparação entre *H. numata* e possui distâncias maiores que 20% em relação as demais sequências de *H. numata*, mas tem similaridade de 95% em relação as sequências de *H. melpomene* (39) e *H. melpomene*

(24). As demais sequências de *H. numata* tem similaridades entre si que variam de 90,6% até 96,5%. Em relação aos valores encontrados entre as sequências de borboletas e o ET *REP-1_HMM*, os valores de similaridade variam de 99,1% - valor de similaridade com as sequências *H. melpomene* (38) e *H. numata* (3) - e valores 78,4% em relação *H. numata* (5). Em relação as similaridades entre sequências de *H. melpomene*, as sequências de numeração (42), (43), (45), (21) e (18) são idênticas entre si. Já as sequências *H. melpomene* (24) e *H. melpomene* (39) são as sequências que possuem maiores valores de distância em relação a outras sequências de *H. melpomene*. Os valores de similaridades entre as sequências das duas espécies revela que, se desconsiderarmos as sequências *H. melpomene* (39), (24) e a sequência de *H. numata* (5), pois essas são as sequências que tem maior diferença nessa análise, e as sequências de *H. melpomene* que são idênticas entre si ((42), (43), (45), (21) e (18)), todas as demais sequências entre as duas espécies tem distância muito pequenas. A menor distância ocorre entre o par *H. melpomene* (56) e *H. numata* (3), que tem similaridade de 99,6% e a menor semelhança ocorre entre os pares *H. melpomene* (9) e (55), e entre *H. melpomene* (9) e (44), ambos com valor de 91,2% .

Tabela 16- Resultados da análise de distâncias entre as sequências em relação ao *REP-1_HMM*

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	
1 <i>H. melpomene</i> (38)																						
2 <i>H. melpomene</i> (24)	0.196																					
3 <i>H. melpomene</i> (9)	0.078	0.196																				
4 <i>H. numata</i> (2)	0.027	0.197	0.078																			
5 <i>H. melpomene</i> (39)	0.198	0.045	0.198	0.199																		
6 <i>H. numata</i> (3)	0.017	0.190	0.068	0.009	0.192																	
7 <i>H. numata</i> (13)	0.064	0.191	0.059	0.069	0.181	0.064																
8 <i>H. numata</i> (5)	0.226	0.050	0.214	0.215	0.050	0.208	0.209															
9 <i>H. numata</i> (1)	0.035	0.214	0.088	0.045	0.210	0.035	0.083	0.232														
10 <i>H. melpomene</i> (18)	0.084	0.204	0.059	0.084	0.200	0.074	0.064	0.222	0.094													
11 <i>H. melpomene</i> (44)	0.027	0.221	0.088	0.036	0.211	0.027	0.084	0.221	0.040	0.094												
12 <i>H. melpomene</i> (56)	0.022	0.180	0.073	0.013	0.181	0.004	0.069	0.197	0.040	0.079	0.031											
13 <i>H. melpomene</i> (3)	0.068	0.184	0.035	0.069	0.175	0.059	0.040	0.202	0.078	0.050	0.078	0.064										
14 <i>H. numata</i> (4)	0.076	0.177	0.064	0.088	0.151	0.076	0.046	0.163	0.088	0.070	0.095	0.082	0.046									
15 <i>H. melpomene</i> (42)	0.079	0.212	0.060	0.085	0.206	0.074	0.060	0.225	0.094	0.000	0.090	0.080	0.045	0.065								
16 <i>H. melpomene</i> (43)	0.079	0.212	0.060	0.085	0.206	0.074	0.060	0.225	0.094	0.000	0.090	0.080	0.045	0.065	0.000							
17 <i>H. melpomene</i> (45)	0.084	0.204	0.059	0.084	0.200	0.074	0.064	0.222	0.094	0.000	0.094	0.079	0.050	0.070	0.000	0.000						
18 <i>H. melpomene</i> (21)	0.084	0.204	0.059	0.084	0.200	0.074	0.064	0.222	0.094	0.000	0.094	0.079	0.050	0.070	0.000	0.000	0.000					
19 <i>H. melpomene</i> (26)	0.074	0.198	0.064	0.069	0.188	0.074	0.036	0.216	0.094	0.069	0.094	0.079	0.045	0.051	0.065	0.065	0.069	0.069				
20 <i>H. melpomene</i> (27)	0.074	0.198	0.064	0.069	0.188	0.074	0.036	0.216	0.094	0.069	0.094	0.079	0.045	0.051	0.065	0.065	0.069	0.069	0.000			
21 <i>H. melpomene</i> (55)	0.026	0.220	0.088	0.036	0.216	0.026	0.083	0.239	0.045	0.094	0.036	0.031	0.078	0.088	0.094	0.094	0.094	0.094	0.094	0.094	0.094	
22 <i>REP-1_HMM</i>	0.009	0.196	0.068	0.018	0.192	0.009	0.064	0.214	0.026	0.074	0.018	0.013	0.059	0.076	0.074	0.074	0.074	0.074	0.074	0.074	0.074	0.017

Família *Helitron*

Os elementos *Helitron* foram inicialmente descobertos em *Arabidopsis thaliana* (Magnoliopsida: Brassicales) e desde então tem sido descrito em uma porção de genomas de eucariotos. Ao contrário dos demais elementos de Classe II, os *Helitrons* se transpõem de modo conservativo, pois retem a integração inicial devido a síntese de um ET filho através da replicação *rolling circle*. Esse método de replicação utiliza a atividade enzimática de proteínas replicase e helicase de modo semelhante aquele utilizado por vírus de ssDNA, bactérias e plasmídeos. Possuem a capacidade de “sequestrar” fragmentos de DNA adjacentes durante a sua transposição e têm sido encontrados relacionados a diferentes casos de TH (Coates 2015). Os elementos *Helitron* ocupam cerca 5,37% do genoma de *H. melpomene* (Lavoie *et al.* 2013).

A família *Helitron* de *H. melpomene* possui 23 elementos descritos. Desses 23 elementos, 11 elementos apresentaram resultados em relação as sequências provenientes de *H. numata*. É uma das famílias que mais teve sequências de elementos encontradas nos genomas disponíveis do gênero *Heliconius*. Os resultados de Blastn podem ser observados na Tabela Suplementar 16.

As distâncias de *Helitron-N2_HMM* estão representadas na Tabela 17. Todas as sequências das borboletas apresentaram similaridade que variou desde sequências de *H. melpomene* completamente idênticas (*H. melpomene* (27) e (26), *H. melpomene* (20) e (19) e *H. melpomene* (17) e (16)) até sequências com similaridade 80,3% (*H. melpomene* (9) e (2), mas nunca ultrapassando 20% de distância. Um dado relevante dessa análise de similaridade é o da sequência de *H. numata* (13) se apresentou idêntica ao elemento *Helitron-N2_HMM* e a outras 16 sequências presentes nesse resultado. Apenas sete sequências de *H. melpomene* divergiram em relação a *H. numata* (13), e são as sequências de terminação: (2), (9), (19), (20) (21), (25) e (10). A similaridade dessas sequências em relação a *H. numata* (13) foi de 96,6%, exceto em relação a sequência de *H. melpomene* (9), que teve uma distância de 46,7% (apenas 53,3% de similaridade) em relação a *H. numata* (13). As outras cinco sequências de *H. numata*, cujas terminações são (1), (2), (3), (4) e (5), apresentaram similaridades em relação a sequência do ET com valores que variaram de 93,9% - 95,5% e apresentaram similaridades de 82,6% - 97,7% em relação as demais sequências de *H. melpomene*.

Tabela 17 - Resultados da análise de distâncias entre as sequências em relação ao *Helitron-N2_HMM*

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29					
1 <i>Helitron-N2_HMM</i>																																		
2 <i>H. melpomene</i> (4)	0.104																																	
3 <i>H. melpomene</i> (2)	0.106	0.061																																
4 <i>H. melpomene</i> (14)	0.067	0.160	0.169																															
5 <i>H. melpomene</i> (15)	0.049	0.174	0.180	0.055																														
6 <i>H. numata</i> (13)	0.000	0.000	0.034	0.000	0.000																													
7 <i>H. melpomene</i> (9)	0.081	0.194	0.197	0.081	0.066	0.467																												
8 <i>H. numata</i> (1)	0.061	0.174	0.173	0.053	0.045	0.000	0.064																											
9 <i>H. melpomene</i> (28)	0.069	0.184	0.186	0.080	0.065	0.000	0.093	0.059																										
10 <i>H. melpomene</i> (6)	0.060	0.166	0.171	0.058	0.047	0.000	0.066	0.043	0.067																									
11 <i>H. melpomene</i> (22)	0.056	0.173	0.169	0.047	0.032	0.000	0.057	0.038	0.063	0.039																								
12 <i>H. melpomene</i> (16)	0.050	0.168	0.168	0.046	0.049	0.000	0.067	0.043	0.070	0.044	0.041																							
13 <i>H. melpomene</i> (17)	0.050	0.168	0.168	0.046	0.049	0.000	0.067	0.043	0.070	0.044	0.041	0.000																						
14 <i>H. melpomene</i> (23)	0.048	0.162	0.164	0.038	0.033	0.000	0.055	0.033	0.059	0.036	0.029	0.033	0.033																					
15 <i>H. numata</i> (3)	0.054	0.163	0.165	0.060	0.047	0.000	0.075	0.054	0.039	0.050	0.045	0.052	0.052	0.042																				
16 <i>H. melpomene</i> (19)	0.061	0.178	0.181	0.061	0.037	0.034	0.067	0.050	0.070	0.051	0.039	0.046	0.046	0.038	0.053	0.000																		
17 <i>H. melpomene</i> (20)	0.061	0.178	0.181	0.061	0.037	0.034	0.067	0.050	0.070	0.051	0.039	0.046	0.046	0.038	0.053	0.000																		
18 <i>H. numata</i> (5)	0.054	0.169	0.172	0.058	0.054	0.000	0.082	0.061	0.048	0.059	0.047	0.055	0.055	0.049	0.023	0.059	0.059																	
19 <i>H. melpomene</i> (21)	0.061	0.178	0.181	0.061	0.040	0.034	0.067	0.050	0.070	0.051	0.039	0.046	0.046	0.038	0.053	0.004	0.004	0.059																
20 <i>H. melpomene</i> (24)	0.057	0.170	0.170	0.058	0.052	0.000	0.064	0.048	0.072	0.044	0.041	0.033	0.033	0.034	0.050	0.051	0.051	0.055	0.051															
21 <i>H. melpomene</i> (11)	0.038	0.155	0.157	0.035	0.029	0.000	0.048	0.029	0.056	0.030	0.022	0.027	0.027	0.010	0.035	0.030	0.030	0.042	0.030	0.030														
22 <i>H. melpomene</i> (26)	0.054	0.169	0.171	0.058	0.044	0.000	0.063	0.046	0.068	0.046	0.041	0.041	0.041	0.034	0.047	0.044	0.044	0.054	0.044	0.042	0.023													
23 <i>H. melpomene</i> (27)	0.054	0.169	0.171	0.058	0.044	0.000	0.063	0.046	0.068	0.046	0.041	0.041	0.041	0.034	0.047	0.044	0.044	0.054	0.044	0.042	0.023	0.000												
24 <i>H. melpomene</i> (29)	0.056	0.160	0.163	0.053	0.040	0.000	0.059	0.043	0.063	0.044	0.035	0.039	0.039	0.032	0.046	0.040	0.040	0.052	0.040	0.040	0.026	0.029	0.029											
25 <i>H. melpomene</i> (18)	0.050	0.163	0.165	0.053	0.042	0.000	0.072	0.050	0.037	0.052	0.043	0.050	0.050	0.036	0.025	0.055	0.055	0.029	0.055	0.052	0.033	0.045	0.045	0.044										
26 <i>H. melpomene</i> (25)	0.050	0.157	0.154	0.053	0.042	0.034	0.059	0.039	0.061	0.042	0.037	0.035	0.035	0.030	0.044	0.044	0.044	0.050	0.044	0.032	0.024	0.023	0.023	0.025	0.042									
27 <i>H. numata</i> (4)	0.045	0.156	0.159	0.060	0.042	0.000	0.077	0.052	0.062	0.056	0.049	0.054	0.054	0.044	0.045	0.052	0.052	0.047	0.052	0.055	0.033	0.047	0.047	0.048	0.043	0.050								
28 <i>H. numata</i> (2)	0.052	0.170	0.170	0.076	0.069	0.000	0.094	0.075	0.090	0.068	0.066	0.055	0.055	0.062	0.076	0.073	0.073	0.072	0.073	0.066	0.051	0.068	0.068	0.070	0.074	0.063	0.069							
29 <i>H. melpomene</i> (10)	0.038	0.142	0.150	0.075	0.061	0.034	0.090	0.066	0.077	0.070	0.063	0.053	0.053	0.057	0.063	0.070	0.070	0.066	0.070	0.066	0.047	0.063	0.063	0.065	0.061	0.059	0.055	0.062						

Os resultados de *Helitron-N2B1_HMM* mostraram que tanto as sequências de *H. numata* como as sequências de *H. melpomene* tiveram similaridade em relação ao ET com valores que variaram de 97% até 98,9%, sendo o valor maior referente a comparação do ET com a sequência de *H. numata* (8). Em relação as sequências de *H. numata* com as sequências de *H. melpomene*, os valores de similaridade variam de 95,5% até 97,8%. Entre as sequências de *H. melpomene*, a similaridade variou de 94,7% - 97%.

A Tabela 18 contém os resultados de distâncias das sequências em relação ao ET *Helitron-like-4a_Hmel*. Todas as sequências de todas as espécies que apareceram na presente análise apresentaram grande similaridade entre si. As sequências de *H. numata* (1), (3), (4) e (5) tiveram similaridade em relação ao ET que variou de 95,5% até 97,9%. A similaridade entre elas variou de 95,1% até 98,0%. Já as sequências de *H. melpomene* tem uma similaridade em relação ao ET que variou de 94,7% à 99,95%. A similaridade entre as sequências de *H. melpomene* variam de 94,3% até 98,0%.

Tabela 18- Resultados da análise de distâncias entre as sequências em relação ao *Helitron-like-4a_Hmel*

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
1 <i>Helitron-like-4a_Hmel</i>																				
2 <i>H. melpomene</i> (14)	0.045																			
3 <i>H. melpomene</i> (15)	0.043	0.043																		
4 <i>H. melpomene</i> (16)	0.044	0.030	0.040																	
5 <i>H. melpomene</i> (17)	0.043	0.029	0.039	0.001																
6 <i>H. numata</i> (1)	0.045	0.039	0.038	0.033	0.032															
7 <i>H. melpomene</i> (19)	0.053	0.050	0.041	0.044	0.043	0.044														
8 <i>H. melpomene</i> (20)	0.053	0.050	0.041	0.044	0.043	0.044	0.000													
9 <i>H. melpomene</i> (6)	0.047	0.042	0.041	0.037	0.036	0.034	0.045	0.045												
10 <i>H. melpomene</i> (21)	0.052	0.050	0.042	0.044	0.043	0.044	0.005	0.005	0.045											
11 <i>H. melpomene</i> (22)	0.037	0.038	0.038	0.035	0.034	0.037	0.047	0.047	0.039	0.043										
12 <i>H. melpomene</i> (23)	0.036	0.027	0.030	0.027	0.026	0.023	0.036	0.036	0.030	0.036	0.031									
13 <i>H. melpomene</i> (24)	0.043	0.038	0.043	0.028	0.027	0.038	0.048	0.048	0.036	0.048	0.037	0.028								
14 <i>H. melpomene</i> (25)	0.040	0.040	0.041	0.035	0.034	0.039	0.046	0.046	0.039	0.045	0.036	0.030	0.034							
15 <i>H. melpomene</i> (26)	0.042	0.043	0.043	0.036	0.035	0.041	0.048	0.048	0.041	0.047	0.038	0.032	0.036	0.004						
16 <i>H. melpomene</i> (27)	0.042	0.043	0.043	0.036	0.035	0.041	0.048	0.048	0.041	0.047	0.038	0.032	0.036	0.004	0.000					
17 <i>H. numata</i> (4)	0.038	0.039	0.036	0.037	0.036	0.038	0.046	0.046	0.042	0.045	0.041	0.033	0.038	0.035	0.038	0.038				
18 <i>H. numata</i> (5)	0.021	0.040	0.042	0.043	0.041	0.047	0.054	0.054	0.047	0.052	0.040	0.036	0.040	0.040	0.042	0.042	0.035			
19 <i>H. numata</i> (3)	0.025	0.046	0.047	0.045	0.044	0.049	0.056	0.056	0.046	0.054	0.044	0.037	0.042	0.041	0.044	0.044	0.036	0.020		
20 <i>H. melpomene</i> (28)	0.014	0.059	0.055	0.056	0.054	0.051	0.065	0.065	0.057	0.066	0.053	0.048	0.056	0.055	0.056	0.056	0.049	0.035	0.036	
21 <i>H. melpomene</i> (29)	0.005	0.045	0.043	0.044	0.043	0.045	0.053	0.053	0.047	0.052	0.037	0.036	0.043	0.038	0.039	0.039	0.038	0.022	0.026	0.020

As distância entre as sequências referente a análise de *Helitron-4b_Hmel* mostrou que as mesmas sequências de *H. numata* (1, 3,4,5) que apareceram na análise de *Helitron-like-4a_Hmel*. As distâncias dessas sequências de *H. numata* em relação a esse elemento variam de 97,3% até 98,0%. Já as sequências de *H. melpomene* tem uma similaridade em relação ao ET que varia de 96,2% até 98,3% e similaridades entre si que variam de 93,3% em relação as sequências *H. melpomene* (21) e *H. melpomene* (28) até a completa similaridade entre as duplas de sequências *H. melpomene* (26) e *H. melpomene* (27) .

A Tabela 19 possui os resultados de distâncias das sequências em relação ao *Helitron-like-5_Hmel*. Em relação ao elemento *Helitron-like-5_Hmel*, as sequências de *H. numata* tem similaridades que variam de 88,5-95%. As sequências de *H. melpomene* tem similaridades que variam de 82,7% referente a dupla *H. melpomene* (20) e (37) até a completa similaridade em relação as sequências *H. melpomene* (43) e (42), (40) e (39), (1) e (41) e a dupla (21) e (45). Em relação ao elemento, as sequências de *H. melpomene* varia de 92,1 - 96,8%. Já em comparação entre as duas espécies de *Heliconius*, as similaridades variam de 80,1%, menor valor que foi encontrado entre *H. melpomene* (37) e *H. numata* (4), até 97,1%, maior valor encontrado entre *H. melpomene* (7) e *H. numata* (6). O agrupamento das sequências pode ser visto na Figura 4. Nesse agrupamento as sequências de *H. numata* (6), (2), (3) e (4) permaneceram próximas entre si e esse grupo ficou próximo a *H. melpomene* (7). A sequência de *H. numata* (7) foi agrupada com a sequência de *H. melpomene* (42) e (43). A sequência de *H. numata* (1) foi agrupada com a sequência proveniente de *H. melpomene* (46).

Tabela 19- Resultados da análise de distâncias entre as sequências em relação ao *Helitron-like-5_Hmel*

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36
1 <i>H. melpomene</i> (31)																																				
2 <i>H. melpomene</i> (32)	0.125																																			
3 <i>H. melpomene</i> (33)	0.132	0.104																																		
4 <i>H. melpomene</i> (34)	0.105	0.119	0.117																																	
5 <i>H. numata</i> (4)	0.163	0.170	0.161	0.165																																
6 <i>H. melpomene</i> (36)	0.019	0.117	0.124	0.108	0.155																															
7 <i>H. numata</i> (6)	0.094	0.087	0.102	0.121	0.139	0.089																														
8 <i>H. melpomene</i> (20)	0.147	0.129	0.117	0.154	0.181	0.145	0.150																													
9 <i>H. melpomene</i> (16)	0.116	0.087	0.090	0.101	0.153	0.115	0.099	0.118																												
10 <i>H. melpomene</i> (13)	0.100	0.090	0.090	0.121	0.151	0.092	0.041	0.159	0.112																											
11 <i>H. numata</i> (2)	0.095	0.096	0.104	0.121	0.155	0.092	0.029	0.147	0.105	0.050																										
12 <i>H. numata</i> (3)	0.095	0.096	0.104	0.121	0.155	0.092	0.029	0.147	0.105	0.050	0.000																									
13 <i>H. melpomene</i> (37)	0.117	0.123	0.111	0.138	0.199	0.112	0.097	0.173	0.117	0.106	0.102	0.102																								
14 <i>H. melpomene</i> (38)	0.140	0.113	0.127	0.123	0.188	0.127	0.134	0.166	0.119	0.127	0.141	0.141	0.151																							
15 <i>H. melpomene</i> (10)	0.107	0.118	0.116	0.098	0.137	0.097	0.090	0.145	0.107	0.095	0.097	0.097	0.131	0.121																						
16 <i>H. melpomene</i> (9)	0.089	0.097	0.100	0.130	0.181	0.073	0.097	0.133	0.085	0.118	0.105	0.105	0.105	0.140	0.127																					
17 <i>H. melpomene</i> (18)	0.068	0.104	0.104	0.098	0.144	0.069	0.060	0.147	0.103	0.066	0.064	0.064	0.098	0.127	0.078	0.105																				
18 <i>H. melpomene</i> (19)	0.075	0.107	0.101	0.091	0.153	0.073	0.075	0.142	0.107	0.082	0.078	0.078	0.100	0.127	0.089	0.109	0.052																			
19 <i>H. melpomene</i> (7)	0.093	0.082	0.096	0.117	0.148	0.088	0.029	0.154	0.096	0.046	0.042	0.042	0.096	0.136	0.097	0.098	0.064	0.074																		
20 <i>H. melpomene</i> (4)	0.124	0.093	0.076	0.113	0.160	0.121	0.105	0.125	0.076	0.113	0.115	0.115	0.122	0.130	0.110	0.067	0.106	0.104	0.110																	
21 <i>H. melpomene</i> (39)	0.090	0.104	0.104	0.110	0.150	0.090	0.085	0.144	0.100	0.087	0.085	0.085	0.108	0.125	0.108	0.105	0.076	0.078	0.087	0.106	0.000															
22 <i>H. melpomene</i> (40)	0.090	0.104	0.104	0.110	0.150	0.090	0.085	0.144	0.100	0.087	0.085	0.085	0.108	0.125	0.108	0.105	0.076	0.078	0.087	0.106	0.000															
23 <i>H. melpomene</i> (41)	0.119	0.107	0.093	0.067	0.154	0.119	0.110	0.134	0.065	0.111	0.117	0.117	0.124	0.137	0.106	0.097	0.111	0.108	0.100	0.077	0.115	0.115														
24 <i>H. melpomene</i> (1)	0.119	0.107	0.093	0.067	0.154	0.119	0.110	0.134	0.065	0.111	0.117	0.117	0.124	0.137	0.106	0.097	0.111	0.108	0.100	0.077	0.115	0.115	0.000													
25 <i>H. melpomene</i> (2)	0.133	0.087	0.073	0.126	0.159	0.125	0.107	0.138	0.091	0.108	0.114	0.114	0.126	0.129	0.114	0.103	0.112	0.120	0.112	0.089	0.123	0.123	0.097	0.097												
26 <i>H. melpomene</i> (42)	0.123	0.084	0.084	0.110	0.173	0.121	0.103	0.135	0.091	0.106	0.112	0.112	0.119	0.129	0.099	0.109	0.099	0.105	0.110	0.097	0.114	0.114	0.093	0.093	0.084											
27 <i>H. melpomene</i> (43)	0.123	0.084	0.084	0.110	0.173	0.121	0.103	0.135	0.091	0.106	0.112	0.112	0.119	0.129	0.099	0.109	0.099	0.105	0.110	0.097	0.114	0.114	0.093	0.093	0.084	0.000										
28 <i>H. numata</i> (7)	0.138	0.084	0.096	0.119	0.167	0.127	0.107	0.147	0.080	0.108	0.114	0.114	0.124	0.123	0.119	0.109	0.108	0.116	0.104	0.095	0.108	0.108	0.096	0.096	0.093	0.056										
29 <i>H. numata</i> (1)	0.123	0.104	0.090	0.113	0.151	0.123	0.105	0.127	0.071	0.117	0.110	0.110	0.126	0.134	0.112	0.090	0.117	0.112	0.102	0.074	0.108	0.108	0.073	0.073	0.093	0.097	0.097	0.095								
30 <i>H. numata</i> (8)	0.098	0.065	0.074	0.122	0.149	0.092	0.046	0.145	0.098	0.054	0.062	0.062	0.087	0.121	0.097	0.092	0.062	0.076	0.054	0.104	0.083	0.083	0.104	0.104	0.089	0.085	0.085	0.087	0.108							
31 <i>H. melpomene</i> (44)	0.117	0.090	0.082	0.106	0.142	0.106	0.105	0.131	0.080	0.117	0.106	0.106	0.120	0.128	0.102	0.099	0.102	0.095	0.104	0.085	0.099	0.099	0.092	0.092	0.089	0.083	0.083	0.087	0.085	0.096						
32 <i>H. melpomene</i> (45)	0.114	0.090	0.082	0.106	0.137	0.112	0.090	0.100	0.067	0.108	0.102	0.102	0.106	0.123	0.093	0.082	0.089	0.089	0.095	0.064	0.099	0.099	0.069	0.069	0.076	0.074	0.074	0.081	0.068	0.081	0.073					
33 <i>H. melpomene</i> (21)	0.114	0.090	0.082	0.106	0.137	0.112	0.090	0.100	0.067	0.108	0.102	0.102	0.106	0.123	0.093	0.082	0.089	0.089	0.095	0.064	0.099	0.099	0.069	0.069	0.076	0.074	0.074	0.081	0.068	0.081	0.073	0.000				
34 <i>H. melpomene</i> (46)	0.126	0.079	0.082	0.121	0.153	0.121	0.092	0.133	0.067	0.116	0.106	0.106	0.111	0.134	0.110	0.086	0.101	0.105	0.097	0.074	0.108	0.108	0.079	0.079	0.082	0.080	0.080	0.087	0.050	0.087	0.078	0.052	0.052			
35 <i>H. melpomene</i> (47)	0.121	0.084	0.082	0.113	0.139	0.116	0.083	0.124	0.067	0.093	0.095	0.095	0.108	0.131	0.085	0.088	0.095	0.099	0.087	0.074	0.097	0.097	0.074	0.074	0.091	0.078	0.078	0.087	0.072	0.076	0.078	0.060	0.060	0.070		
36 <i>H. melpomene</i> (22)	0.121	0.084	0.082	0.113	0.139	0.116	0.083	0.124	0.067	0.093	0.095	0.095	0.108	0.131	0.085	0.088	0.095	0.099	0.087	0.074	0.097	0.097	0.074	0.074	0.091	0.078	0.078	0.087	0.072	0.076	0.078	0.060	0.060	0.070	0.000	
<i>Helitron-like-5_Hmel</i>	0.084	0.052	0.057	0.079	0.115	0.082	0.060	0.089	0.041	0.074	0.068	0.068	0.079	0.095	0.070	0.065	0.062	0.062	0.058	0.050	0.068	0.068	0.050	0.050	0.060	0.050	0.050	0.054	0.050	0.050	0.048	0.032	0.032	0.040	0.036	0.036

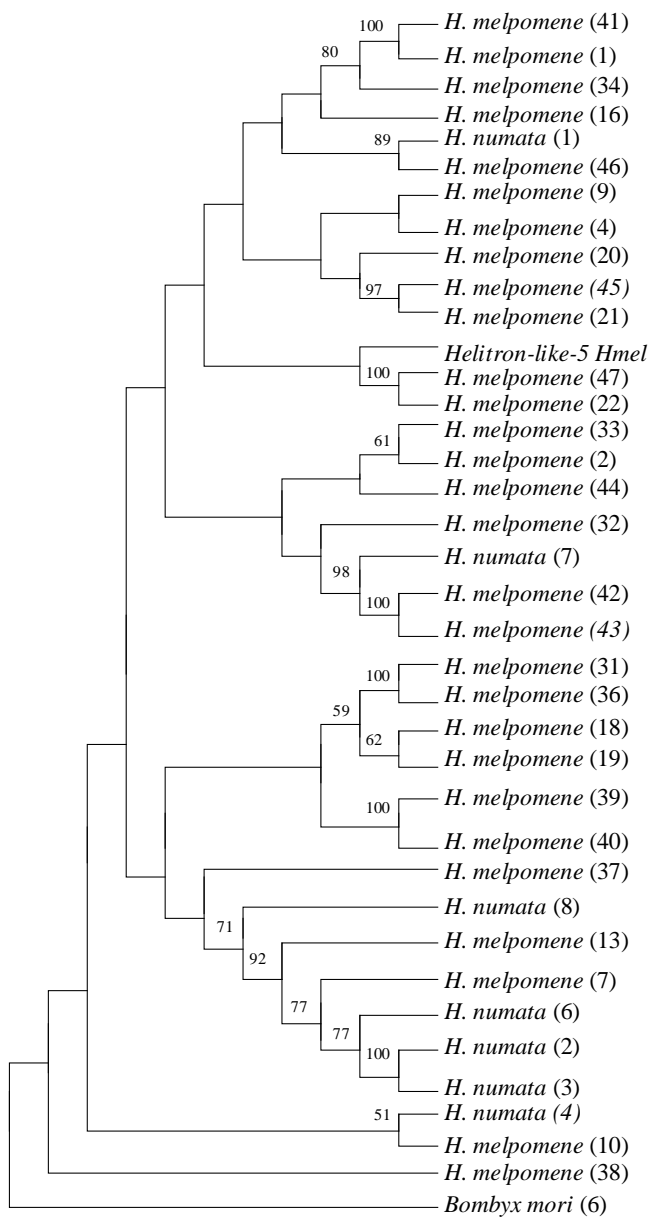


Figura 4- Agrupamento de seqüências em relação ao elemento *Helitron-like-5_Hmel*

As distâncias entre as sequências de *Heliconius* em relação ao ET *Helitron-like-6a_Hmel* consta na Tabela 20. A Figura 5 mostra o resultado dos agrupamentos dessas sequências. Entre as borboletas, as sequências de *H. numata* em relação as sequências de *H. melpomene* tem similaridades que variam de 91,7% -valor encontrado entre *H. melpomene* (1) e *H. numata* (1)- até 95,6%, valor referente as duas duplas *H. melpomene* (52) e *H. numata* (15) e *H. melpomene* (14) com *H. numata* (15). Em relação a sequência do ET, as sequências de *H. numata* mostraram ter uma similaridade que varia de 93,9 - 97,3%. Entre si, as sequências de *H. numata* variam de 91,8%, valor encontrado entre *H. numata* (15) e (13), até 95,5%, valor encontrado entre *H. numata* (4) e (3). Essas duas sequências se mostraram agrupadas na Figura 5. Em relação as sequências de *H. melpomene* e a sequência do ET, as similaridades variaram de 94% até 98,6%. Entre si, as sequências de *H. melpomene* variaram de 89,5%, menor valor encontrado referente a dupla *H. melpomene* (51) e (50), até a sua completa similaridade encontrada nas duas duplas *H. melpomene* (27) e (26) e *H. melpomene* (22) e (47). Na imagem do agrupamento a sequência *H. numata* (2) se mostrou agrupada com as sequências de *H. melpomene* (26) e (27), e a sequência de *H. numata* (1) foi agrupada com a sequência de *H. melpomene* (2).

Tabela 20 - Resultados da análise de distâncias entre as sequências em relação ao *Helitron-like-6a_Hmel*

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28				
1 <i>Helitron-like-6a_Hmel</i>																																
2 <i>H. numata</i> (15)	0.044																															
3 <i>H. melpomene</i> (12)	0.052	0.073																														
4 <i>H. melpomene</i> (33)	0.050	0.066	0.035																													
5 <i>H. melpomene</i> (32)	0.045	0.072	0.036	0.027																												
6 <i>H. melpomene</i> (48)	0.041	0.064	0.051	0.047	0.046																											
7 <i>H. melpomene</i> (20)	0.043	0.061	0.030	0.021	0.021	0.034																										
8 <i>H. melpomene</i> (50)	0.057	0.066	0.069	0.064	0.069	0.066	0.062																									
9 <i>H. numata</i> (13)	0.061	0.082	0.072	0.066	0.071	0.070	0.064	0.073																								
10 <i>H. numata</i> (3)	0.042	0.066	0.061	0.056	0.050	0.058	0.050	0.066	0.064																							
11 <i>H. melpomene</i> (30)	0.053	0.075	0.069	0.074	0.075	0.062	0.062	0.075	0.079	0.068																						
12 <i>H. numata</i> (2)	0.027	0.067	0.065	0.061	0.058	0.059	0.056	0.072	0.071	0.054	0.067																					
13 <i>H. melpomene</i> (26)	0.033	0.076	0.071	0.066	0.067	0.065	0.063	0.082	0.080	0.063	0.079	0.044																				
14 <i>H. melpomene</i> (27)	0.033	0.076	0.071	0.066	0.067	0.065	0.063	0.082	0.080	0.063	0.079	0.044	0.000																			
15 <i>H. melpomene</i> (16)	0.053	0.070	0.056	0.056	0.060	0.060	0.054	0.066	0.060	0.056	0.068	0.065	0.071	0.071																		
16 <i>H. melpomene</i> (5)	0.060	0.086	0.075	0.071	0.069	0.060	0.058	0.072	0.080	0.068	0.040	0.067	0.084	0.084	0.065																	
17 <i>H. melpomene</i> (47)	0.052	0.078	0.069	0.066	0.066	0.053	0.054	0.064	0.078	0.069	0.043	0.061	0.073	0.073	0.064	0.032																
18 <i>H. melpomene</i> (22)	0.052	0.078	0.069	0.066	0.066	0.053	0.054	0.064	0.078	0.069	0.043	0.061	0.073	0.073	0.064	0.032	0.000															
19 <i>H. melpomene</i> (2)	0.048	0.074	0.064	0.065	0.065	0.053	0.052	0.066	0.079	0.055	0.072	0.062	0.071	0.071	0.067	0.070	0.064	0.064	0.059													
20 <i>H. melpomene</i> (25)	0.026	0.055	0.062	0.059	0.055	0.050	0.052	0.070	0.070	0.053	0.061	0.049	0.055	0.055	0.065	0.070	0.064	0.064	0.059													
21 <i>H. melpomene</i> (10)	0.045	0.071	0.063	0.066	0.065	0.053	0.052	0.076	0.076	0.060	0.059	0.059	0.070	0.070	0.068	0.065	0.060	0.060	0.060	0.059	0.056											
22 <i>H. melpomene</i> (52)	0.051	0.083	0.068	0.068	0.065	0.068	0.059	0.075	0.081	0.064	0.070	0.061	0.068	0.068	0.060	0.072	0.065	0.065	0.071	0.059	0.071											
23 <i>H. melpomene</i> (14)	0.033	0.083	0.078	0.078	0.077	0.072	0.075	0.087	0.085	0.072	0.079	0.055	0.060	0.060	0.081	0.091	0.084	0.084	0.079	0.061	0.074	0.076										
24 <i>H. melpomene</i> (51)	0.050	0.077	0.097	0.093	0.091	0.087	0.087	0.105	0.097	0.084	0.099	0.067	0.073	0.073	0.103	0.109	0.100	0.100	0.095	0.075	0.081	0.092	0.073									
25 <i>H. numata</i> (1)	0.042	0.066	0.057	0.053	0.054	0.048	0.044	0.071	0.065	0.050	0.065	0.052	0.059	0.059	0.063	0.066	0.060	0.060	0.051	0.046	0.054	0.062	0.073	0.084								
26 <i>H. numata</i> (4)	0.031	0.045	0.055	0.053	0.056	0.048	0.049	0.063	0.056	0.044	0.056	0.048	0.051	0.051	0.051	0.063	0.062	0.062	0.050	0.042	0.046	0.058	0.056	0.076	0.046							
27 <i>H. melpomene</i> (18)	0.027	0.070	0.078	0.073	0.073	0.066	0.071	0.083	0.084	0.068	0.074	0.050	0.057	0.057	0.078	0.087	0.076	0.076	0.073	0.045	0.070	0.075	0.055	0.067	0.065	0.054						
28 <i>H. melpomene</i> (1)	0.016	0.060	0.067	0.065	0.060	0.056	0.057	0.069	0.072	0.055	0.066	0.038	0.047	0.047	0.065	0.073	0.066	0.066	0.060	0.040	0.059	0.064	0.047	0.062	0.055	0.044	0.040					
29 <i>H. melpomene</i> (19)	0.014	0.060	0.066	0.064	0.059	0.054	0.056	0.068	0.071	0.054	0.065	0.037	0.045	0.045	0.064	0.071	0.065	0.065	0.059	0.039	0.058	0.063	0.046	0.061	0.054	0.043	0.039	0.001				

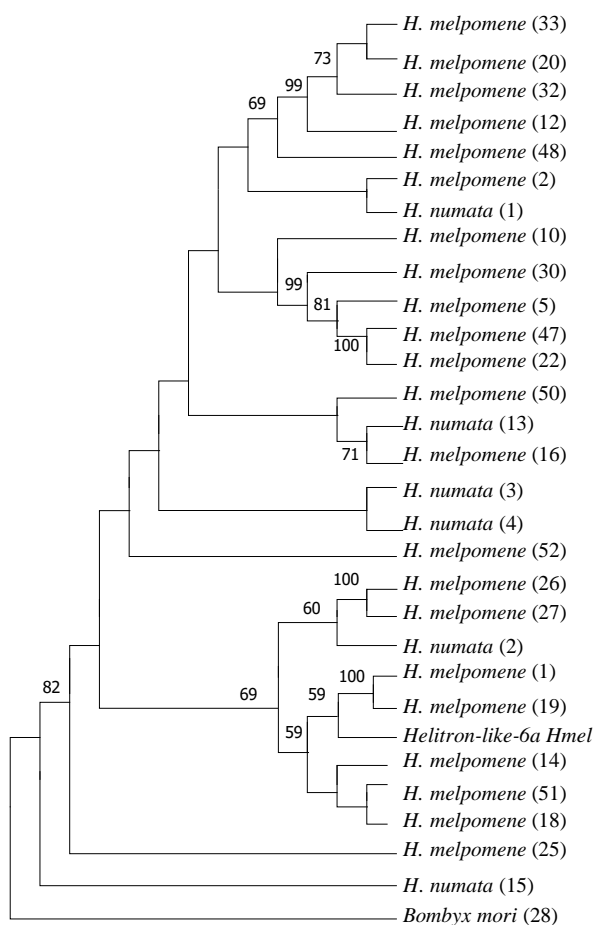


Figura 5- Agrupamento de seqüências em relação ao elemento *Helitron-like-6a_Hmel*

As distâncias do *Helitron-like-6b_Hmel* em relação as seqüências de *Heliconius* estão disponíveis na Tabela 21. Todas as seqüências de borboletas tiveram altos níveis de similaridade entre si, com algumas seqüências de *H. melpomene* com similaridades mínimas de 89,6% (entre *H. melpomene* (5) e (51)), assim como algumas seqüências que se apresentaram idênticas na comparação da mesma espécie, como as duplas *H. melpomene* (26) e (27), *H. melpomene* (22) e (47) e *H. melpomene* (5) e (10). As quatro seqüências de *H. numata* tiveram similaridades que variaram de 93,3% até 95,8% entre si. Essas quatro seqüências de *H. numata* tiveram similaridade em relação as seqüências de *H. melpomene* que variou de 93,1% até 96,3% e similaridades em relação ao ET que variou de 95,9% - 97,4%.

Tabela 21 - Resultados da análise de distâncias entre as sequências em relação ao *Helitron-like-6b_Hmel*

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
1 <i>Helitron-like-6b_Hmel</i>																				
2 <i>H. numata</i> (3)	0.035																			
3 <i>H. numata</i> (13)	0.041	0.068																		
4 <i>H. melpomene</i> (30)	0.040	0.072	0.072																	
5 <i>H. melpomene</i> (26)	0.043	0.061	0.076	0.073																
6 <i>H. melpomene</i> (27)	0.043	0.061	0.076	0.073	0.000															
7 <i>H. melpomene</i> (25)	0.029	0.050	0.069	0.059	0.049	0.049														
8 <i>H. melpomene</i> (51)	0.055	0.077	0.089	0.084	0.069	0.069	0.056													
9 <i>H. melpomene</i> (14)	0.038	0.065	0.071	0.069	0.060	0.060	0.043	0.066												
10 <i>H. melpomene</i> (18)	0.042	0.065	0.077	0.071	0.062	0.062	0.038	0.064	0.054											
11 <i>H. melpomene</i> (2)	0.034	0.057	0.080	0.070	0.064	0.064	0.050	0.081	0.066	0.068										
12 <i>H. melpomene</i> (16)	0.039	0.067	0.055	0.073	0.076	0.076	0.069	0.097	0.075	0.079	0.070									
13 <i>H. melpomene</i> (52)	0.035	0.065	0.075	0.073	0.063	0.063	0.049	0.078	0.062	0.065	0.066	0.062								
14 <i>H. numata</i> (4)	0.026	0.047	0.057	0.059	0.048	0.048	0.037	0.062	0.046	0.048	0.047	0.057	0.053							
15 <i>H. melpomene</i> (1)	0.025	0.045	0.063	0.059	0.048	0.048	0.027	0.056	0.041	0.042	0.048	0.064	0.051	0.034						
16 <i>H. melpomene</i> (19)	0.024	0.043	0.062	0.058	0.047	0.047	0.026	0.055	0.040	0.041	0.047	0.063	0.050	0.033	0.001					
17 <i>H. numata</i> (1)	0.031	0.050	0.067	0.064	0.057	0.057	0.044	0.071	0.059	0.059	0.048	0.069	0.058	0.042	0.046	0.045				
18 <i>H. melpomene</i> (47)	0.041	0.088	0.078	0.056	0.088	0.088	0.075	0.102	0.087	0.087	0.079	0.071	0.079	0.078	0.072	0.071	0.076			
19 <i>H. melpomene</i> (22)	0.041	0.088	0.078	0.056	0.088	0.088	0.075	0.102	0.087	0.087	0.079	0.071	0.079	0.078	0.072	0.071	0.076	0.000		
20 <i>H. melpomene</i> (10)	0.044	0.086	0.081	0.050	0.091	0.091	0.081	0.104	0.090	0.095	0.084	0.072	0.082	0.078	0.075	0.074	0.078	0.038	0.038	
21 <i>H. melpomene</i> (5)	0.044	0.086	0.081	0.050	0.091	0.091	0.081	0.104	0.090	0.095	0.084	0.072	0.082	0.078	0.075	0.074	0.078	0.038	0.038	0.000

As distâncias do *Helitron-like-7_Hmel* revelou que o elemento apresentou alta similaridade em relação as sequências das borboletas *Heliconius*. A sequência de *H. numata* (8) que aparece nessa análise tem uma similaridade de 95% em relação a sequência do ET. A similaridade dessa sequência de *H. numata* em relação as sequências de *H. melpomene* varia de 92,2% até 93%. As sequências de *H. melpomene* tiveram similaridade de 96,2% até 97,6% em relação a sequência do elemento *Helitron-like-7_Hmel*. As distâncias entre as sequências de *H. melpomene* variaram entre 92,7% até 94,7%.

As distâncias do elemento *Helitron-like-11_Hmel* com as sequências de *Heliconius* foram muito pequenas. Todas as sequências envolvidas tiveram similaridade com a sequência do ET variando de 92,4 - 98,7%. As sequências de *H. melpomene* tiveram similaridade variando de 92,4% até 98,7% em relação a sequência do ET. As sequências de *H. numata* tiveram similaridades que variaram de 94,5% até 96,4% em relação a sequência do ET. As sequências de *H. numata* tiveram uma similaridade em relação as sequências de *H. melpomene* que variou entre 89,9% e 94,6%. Entre as sequências de *H. melpomene*, as similaridades variaram de 89% até sequências que foram completamente idênticas entre si.

As distâncias em relação ao ET *Helitron-like-12_Hmel* mostram que a sequência de *H. numata* (13) teve uma similaridade de 90,8% em relação a sequência do ET. Em relação as sequências de *H. melpomene*, a sequência de *H. numata* teve similaridades que variaram de 89,8% até 90,3%. Todas as sequências de *H. melpomene* são parecidas entre si, com similaridades variando de 94,4% até mesmo sequências que acabam sendo idênticas como no caso da dupla *H. melpomene* (43) e (42). As similaridades de *H. melpomene* em relação ao ET *Helitron-like-12_Hmel* variaram de 94,9% até 99,2%.

A Figura 6 mostra o resultado dos agrupamentos das sequências em relação ao elemento *Helitron-like-13_Hmel*. De todos os elementos *Helitron* analisados, este foi o único presente também no genoma de *H. erato*. A sequência de *H. erato* teve distância que variou de 85,5% à 87,2% em relação as sequências de *H. numata* e de 84,1% à 87,5% em relação as sequências de *H. melpomene*. As sequências de *H. melpomene* apresentaram similaridades que variaram desde sequências com 90,3% até a completa identidade, como nos casos das duplas *H. melpomene* (26) e (27), (47) e (22) e (10) e (5). Em relação ao elemento, a sequência de *H. erato* (1) teve similaridade de 88%. As

sequências de *H. numata* tiveram uma similaridade que variou de 93,4% - 98,3% em relação ao ET. Já as sequências de *H. melpomene* variaram de 93,6% - 97,1% em relação a sequência do ET. As sequências de *H. numata* (4) foi agrupada com as sequências de *H. melpomene* (25), (14), (51). A sequência de *H. numata* (2) foi agrupada com as sequências provenientes de *H. melpomene* (26) e (27). A sequência de *H. numata* (7) foi agrupada com *H. melpomene* (48), (12), (20), (33), (32) e (39).

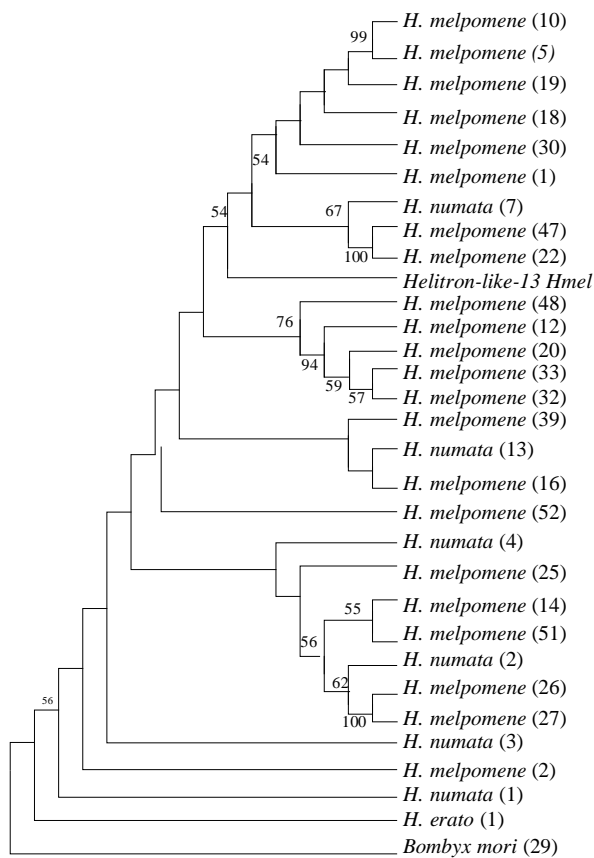


Figura 6- Agrupamento de sequências em relação ao elemento *Helitron-like-13_Hmel*

Família DNA

Transposons de DNA ocupam cerca de 10,05% do genoma de *H. melpomene*, mas a maior parte é dominada por elementos *Helitron* (Lavoie *et al.* 2013). A família DNA é constituída por 16 elementos. Desses 16 elementos analisados, seis deles apresentaram resultados em relação a sequências de outras *Heliconius*. Esses sete elementos são: *DNA-like-6_Hmel*, *DNA-like-7_Hmel*, *DNA-like-9_Hmel*, *DNA-like-10_Hmel*, *nPIF-3_Hmel* e *nPIF-6_Hmel*. Os resultados de Blastn desses elementos podem ser verificados na Tabela Suplementar 17.

As distâncias encontradas entre as sequências de *DNA-like-6_Hmel* e as duas sequências de *H. numata* mostrou uma similaridade de 86,3%. As duas sequências de *H. numata* tiveram uma similaridade maior em relação a sequência de *H. melpomene* (39) (de 97,2% e 97,5%) do que com a sequência proveniente do ET. A distância entre as duas *H. melpomene* (38 e 39) foi de 15,8%, sendo que a sequência *H. melpomene* (38) obteve uma similaridade 98,8% em relação a sequência do elemento *DNA-like-6-Hmel*.

As distâncias do elemento *DNA-like-7_Hmel* mostraram que esse elemento está presente no genoma de *H. numata*. O resultado da análise de similaridade nesse caso foi de 98,8% em relação a sequência proveniente de *H. numata*.

As distâncias em relação ao ET *DNA-like-9_Hmel* mostraram uma alta similaridade entre todas as sequências envolvidas. As sequências de *H. melpomene* (36) e (30) tem similaridade de 99,8% entre si, de 99,1% em relação a *H. melpomene* (9) e de 95,3% em relação a sequência de *H. numata*.

A Figura 7 mostra o agrupamento das sequências realizado de acordo a análise de similaridades das sequências de borboletas em relação com o elemento *DNA-like-10_Hmel*. As sequências de *H. numata* variaram de 90,6% - 91,3% em relação a sequência do ET. As sequências de *H. numata* tiveram valores de similaridade que variaram entre 97,2% e 99,98% entre si. Essa maior similaridade dentro da espécie de *H. numata* levou ao agrupamento dessas sequências na figura das relações entre as sequências encontradas. A sequência de *H. melpomene* teve uma similaridade de 97,8% em relação a sequência do ET e uma similaridade que variou entre 87,9% a 88,1% em relação as sequências encontradas de *H. numata*. Essas similaridades resultaram em dois agrupamentos na

Figura 7, um agrupamento referente as sequências de *H. numata*, que são mais similares entre si, e outro agrupamento envolvendo as sequências de *H. melpomene*.

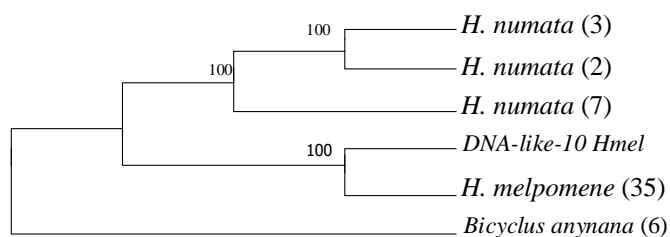


Figura 7- Agrupamento de sequências em relação ao elemento *DNA-like-10_Hmel*.

O Blastn do ET *nPIF-6_Hmel* com *Heliconius* resultou em apenas duas sequências, sendo uma delas proveniente de *H. melpomene*, e a outra de *H. numata*. *H. numata* teve distância de apenas 2,5% e 3,7% em relação ao ET e a sequência de *H. melpomene* (97,5% e 96,3% respectivamente, de similaridade).

Família *Tc1/Mariner*

O primeiro elemento *Mariner* a ser descrito foi um elemento *Mariner* encontrado em *Drosophila mauritiana* (Diptera: Drosophilidae). Esses elementos *Mariner* parecem ser muito antigos e parecem ter divergido antes da divergência dos artrópodes, há cerca de 200-300 milhões de anos. Suas características principais incluem serem elementos curtos, com repetições terminais invertidas e utilizam o DNA como molécula para a sua transposição. É uma superfamília que já foi encontrada em diversos organismos de diversas classes, e por isso se acredita que eles possam estar relacionados a TH (Kidwell MG 1993). Elementos *Mariner* ocupam cerca de 2,13% do genoma de *H. melpomene* (Lavoie *et al.* 2013).

A família *Tc1/Mariner* possui 31 elementos descritos para *H. melpomene*. Esses elementos foram analisados, e apenas cinco elementos apareceram nos genomas de outras *Heliconius*, mas sempre relacionados com sequências provenientes de *H. melpomene* e *H. numata*. Os resultados de Blastn em relação a esses elementos podem ser vistos na Tabela Suplementar 18.

As distâncias do ET *nTc3-1_Hmel* com as sequências de *H. melpomene* resultaram em similaridades que variaram entre 97% e 98,5% em relação a sequência do ET. A sequência de *H. numata* (14) foi a que teve a maior similaridade em relação a sequência do ET, com valor que chegou a 99,6%. A sequência de *H. numata* (4) obteve similaridade de 98,1% em relação a sequência de *H. melpomene* (3).

As distâncias de *Mariner-4_HMM* revelaram similaridade de 99,4% da sequência de *H. numata* (3) com a sequência do ET. As sequências de *H. melpomene* variaram entre 99,4 - 100% em relação a sequência do ET. Três das quatro sequências de *H. melpomene* são idênticas entre si (*H. melpomene* (51), (2) e (9) e tem similaridade de 99,4% com *H. melpomene* (29).

Os dados referentes a análise das sequências em relação a *nMar-3_Hmel* mostrou que as sequências de *H. melpomene* (52) e (10) são idênticas entre si, e possuem similaridade de 98,1% em relação a sequência do ET e a sequência de *H. melpomene* (30). Toda as sequências de *H. melpomene* (52), (10) e (30) apresentaram similaridades de 99,1% em relação a sequência do ET. Em relação as sequências de *H. numata*, os resultados de similaridades mostraram valores de 96,8% até 99% de similaridade em relação a sequência do ET e similaridades que variaram de 94,3% até 98,1% em relação as sequências de *H. melpomene*.

O Blastn de *nMar-8_Hmel* resultou em apenas duas sequências, uma proveniente de *H. melpomene*, e outra proveniente de *H. numata*. A sequência de *H. numata* tem uma similaridade de 98,9% com a sequência do ET e de 96% em relação a sequência de *H. melpomene*. Essa sequência de *H. melpomene* tem uma similaridade de 96,5% em relação a sequência do ET em questão.

As distâncias das sequências de *Heliconius* com o ET *nMar-9_Hmel* foi utilizada para montar a imagem referente ao agrupamento das sequências esta disponível na Figura 8. Nessa imagem podemos ver a sequência de *H. numata* (5) que mostrou uma similaridade de 98,2% em relação ao ET, e mesmo valor de similaridade encontrado para a sequência de *H. melpomene* (24) –valores de maiores similaridades em relação as sequências de borboletas com a sequência do ET- foram agrupadas nessa Figura. Esse agrupamento parece ser relevante devido aos valores de consenso que são encontrados nessas ramificações. Isso nos permite inferir que esse elemento que foi descrito para *H.*

melpomene pode ser encontrado no genoma de *H. numata*. As demais sequências de *H. melpomene* tem similaridades em relação ao ET que variam de 82,1- 98,2%, com a sequência de *H. numata* (13) acabou agrupada com as sequências de *H. melpomene* (26) e (27). As relações de similaridade de *H. numata* resultou em valores que variou de 86,1 - 98,22% em relação a sequência do ET. As sequências de *H. melpomene* variaram de 81,2% até 100%.

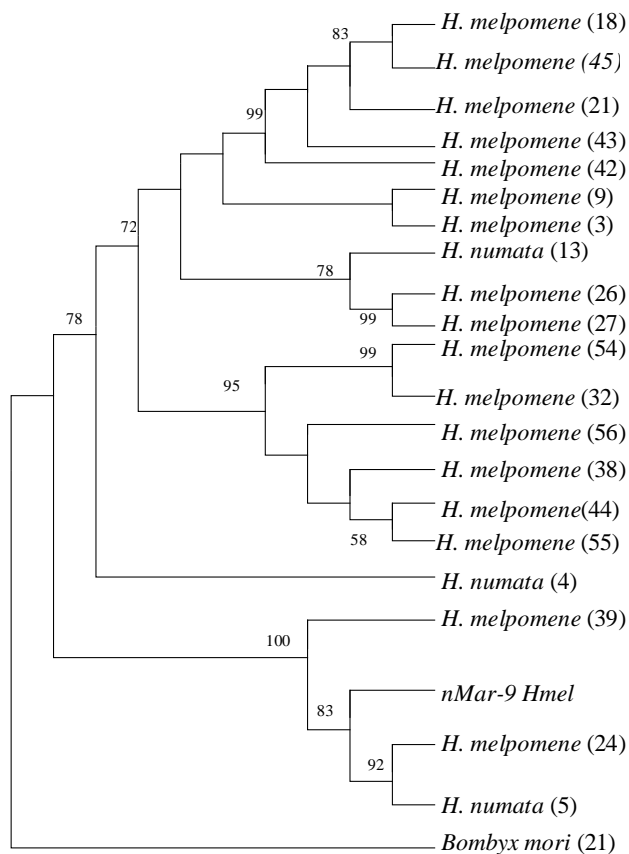


Figura 8- Agrupamento de sequências em relação ao elemento *nMar-9_Hmel*

Análise da Presença de Elementos Transponíveis nos genomas disponíveis de outros organismos.

Uma busca similar, porém, mais geral foi feita em relação a esses elementos que se encontram depositados no RepBase em relação as sequências provenientes de outros organismos não pertencentes ao gênero *Heliconius*. Dentro das 174 sequências de elementos de Classe I descritas para *H. melpomene* apenas uma teve similaridade de aproximadamente 80% ou mais com outros organismos. Isso resulta em cerca de 0,57% dos elementos de Classe I que puderam ser encontrados em outros organismos.

Família *Proto2*

O elemento *Proto2-3_Hmel* da família *Proto2* – que é composta por quatro elementos no total – foi o único elemento de Classe I que foi encontrado em organismo não pertencente ao gênero *Heliconius*. O elemento *Proto2-3_Hmel* teve similaridade de 80,7% em relação a uma única sequência de *Amyelois transitella* (Lepidoptera: Pyralidae). O resultado do Blastn dessa análise pode ser verificado na Tabela Suplementar 19. Os resultados da Tabela 22 mostram a distância da sequência de *A. transitella* em relação a sequência do ET em questão. *A. transitella* é um lepidóptero considerado espécie praga por atacar pomares de pistache nos Estados Unidos. Ela se alimenta diretamente da noz que tem valor comercial, e por esse motivo existem muitas publicações que buscam alternativas para a combater essa espécie de lepidóptero (Rosenheim *et al.* 2017). É uma espécie que pode ser mutualista facultativo do fungo *Aspergillus flavus* (Eurotiales: Trichocomaceae), onde foi averiguado que a largarta que se alimenta desse fungo tem uma melhora de performance na alimentação, ajudando a combater os voláteis liberados devido ao dano na planta e no aumento da ovoposição (Bush *et al.* 2017).

Tabela 22- Resumo de resultados de elementos de Classe I com organismos não pertencentes ao gênero *Heliconius*

Elemento	Similaridade de ETs (%)
<i>Proto2-3_Hmel</i>	<i>Amyelois transitella</i> = 80,7

Em relação as sequências de elementos de Classe II, sete dos 95 elementos descritos apresentaram alguma similaridade com sequências provenientes de outros organismos, cerca

de 7,36% dos elementos dessa Classe (Tabela 23). Os elementos encontrados são: *Mariner-1_HMM*, *Mariner-5_HMM*, *Mariner-7_HMM*, *nMar-21_Hmel*, *Helitron-4_HMM*, *Helitron-like-8_Hmel* e *piggyBac-2_Hmel*.

Tabela 23- Resumo de resultados de elementos de Classe II com organismos não pertencentes ao gênero *Heliconius*

Elemento	Similaridade de ETs (%)
<i>Mariner-1_HMM</i>	<i>Tapinoma nigerrimum (mariner-like Tnigmar)</i> = 80,4 - 82,3 <i>Vollenhovia emeryi</i> = 71,2
<i>Mariner-5_HMM</i>	<i>Rhynchosciara americana (Mariner Ramar2)</i> = 90,7
<i>Mariner-7_HMM</i>	<i>Bombyx mori</i> = 88,7
<i>nMar-21_Hmel</i>	<i>Tapinoma nigerrimum (mariner-like Tnigmar)</i> = 77 - 80
<i>Helitron-4_HMM</i>	<i>Athalia rosae</i> = 82 <i>Acyrtosiphon pisum</i> = 79,5
<i>Helitron-like-8_Hmel</i>	<i>Athalia rosae</i> = 83,5 <i>Acyrtosiphon pisum</i> = 81,3
<i>piggyBac-2_Hmel</i>	<i>Chilo suppressalis</i> = 99,8 <i>Spodoptera litura</i> = 99,3 - 98,8 <i>Papilio xuthus</i> = 98,7 <i>Helicoverpa armigera</i> = 99,8

Família *Tc1/Mariner*

A família *Tc1/Mariner* teve seus 31 elementos descritos analisados em relação a outros organismos e quatro deles tiveram resultados com genomas não pertencentes ao gênero *Heliconius*. Os elementos que foram encontrados em outros organismos são: *Mariner-1_HMM*, *Mariner-5_HMM*, *Mariner-7_HMM* e *nMar-21_Hmel*. Os resultados dos Blastn podem ser vistos na Tabela Suplementar 20.

A Tabela 24 mostra os resultados das distâncias de sequências de outros organismos em relação ao elemento *Mariner-1_HMM*. Aqui a sequência de *Vollenhovia emeryi* (Hymenoptera: Formicidae) não possui similaridade de no mínimo 80% em relação as demais sequências. Todas as sequências de *Tapinoma nigerrimum* (Hymenoptera: Formicidae) são relacionadas ao elemento *mariner-like Tnigmar* e possuem distância em relação ao ET *Mariner-1_HMM* que varia de 80,4% até 82,3%. *T. nigerrimum* faz parte da subfamília Dolichoderinae, com distribuição no mediterrâneo cujas colônias tendem a preferir locais com plantas esparsas (Lorite *etal.* 2012, Bonacci *et al.* 2015).

Tabela 24- Resultados da análise de distâncias entre as sequências de outros organismos em relação ao *Mariner-1_HMM* com organismos não pertencentes ao gênero *Heliconius*

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1 <i>Mariner-1_HMM</i>											
2 <i>Vollenhovia emeryi</i> (3)	0.288										
3 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (1)	0.184	0.255									
4 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (2)	0.196	0.266	0.061								
5 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (3)	0.178	0.258	0.054	0.054							
6 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (4)	0.188	0.272	0.055	0.057	0.054						
7 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (5)	0.193	0.273	0.064	0.062	0.060	0.061					
8 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (6)	0.183	0.260	0.063	0.067	0.060	0.063	0.069				
9 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (7)	0.177	0.259	0.058	0.058	0.060	0.058	0.060	0.034			
10 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (8)	0.185	0.262	0.047	0.051	0.050	0.049	0.054	0.055	0.050		
11 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (9)	0.178	0.260	0.037	0.053	0.042	0.040	0.057	0.053	0.049	0.044	
12 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (10)	0.184	0.262	0.047	0.050	0.049	0.050	0.055	0.054	0.049	0.001	0.043

O elemento *Mariner-5_HMM* teve uma similaridade de 90,7% em relação a apenas uma sequência que é pertencente a espécie *Rhynchosciara americana* (Diptera: Sciaridae). *R. americana* é um díptero que tem sido utilizado para pesquisas há mais de 50 anos

(Rezende-Teixeira et al. 2008). Essa sequência de *R. americana* é relacionada ao elemento *Mariner Ramar2*.

O elemento *Mariner-7_HMM* também teve similaridade com apenas uma sequência, no valor de 88,7% em relação a sequência de *Bombyx mori*. *B. mori* é conhecido como bicho da seda, é um lepidóptero de importância econômica para produção de seda e um organismo muito importante para pesquisas genéticas e de desenvolvimento (Waku 1991).

Os resultados das distâncias entre as sequências referente a *nMar-21_Hmel* encontra-se na Tabela 25. Em relação a esse ET, novamente aparece similaridade apenas relacionada ao *mariner-like Tnigmar* encontrado em *T. nigerrimum*, de modo similar ao que ocorreu com *Mariner-1_HMM*. Porém aqui, apenas uma sequência teve similaridade de 80% exatamente em relação a sequência do ET *nMar-21_Hmel*, a sequência *Tapinoma nigerrimum* (11). Todas as demais sequências tiveram similaridades que variaram de 77% até 79,9%. Todas as sequências de *T. nigerrimum* possuem alta similaridade entre si, variando de 92,7% até 100%.

Tabela 25- Resultados da análise de distâncias entre as sequências de outros organismos em relação ao *nMar-21_Hmel* com organismos não pertencentes ao gênero *Heliconius*

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
1 <i>nMar-21_Hmel</i>																				
2 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (16)	0.219																			
3 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (14)	0.211	0.047																		
4 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (20)	0.225	0.063	0.056																	
5 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (24)	0.230	0.061	0.056	0.067																
6 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (22)	0.222	0.064	0.055	0.067	0.067															
7 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (19)	0.218	0.053	0.044	0.052	0.060	0.057														
8 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (12)	0.201	0.060	0.051	0.059	0.067	0.069	0.051													
9 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (15)	0.226	0.054	0.051	0.073	0.068	0.070	0.060	0.067												
10 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (13)	0.221	0.057	0.045	0.070	0.072	0.069	0.064	0.065	0.063											
11 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (30)	0.213	0.061	0.056	0.065	0.055	0.064	0.057	0.064	0.063	0.066										
12 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (29)	0.210	0.057	0.052	0.062	0.052	0.060	0.053	0.060	0.060	0.063	0.003									
13 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (23)	0.207	0.055	0.049	0.060	0.049	0.054	0.048	0.054	0.061	0.060	0.052	0.048								
14 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (28)	0.210	0.057	0.052	0.062	0.051	0.060	0.053	0.060	0.060	0.063	0.003	0.000	0.048							
15 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (27)	0.208	0.056	0.051	0.060	0.050	0.059	0.052	0.059	0.058	0.061	0.004	0.001	0.047	0.001						
16 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (26)	0.209	0.056	0.051	0.060	0.053	0.062	0.052	0.059	0.058	0.061	0.007	0.003	0.049	0.003	0.002					
17 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (18)	0.212	0.047	0.041	0.052	0.054	0.053	0.043	0.047	0.053	0.053	0.048	0.044	0.048	0.044	0.045	0.045				
18 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (25)	0.209	0.056	0.051	0.060	0.053	0.062	0.052	0.059	0.059	0.061	0.007	0.003	0.049	0.003	0.002	0.002	0.045			
19 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (17)	0.208	0.050	0.040	0.053	0.053	0.056	0.042	0.049	0.053	0.052	0.047	0.044	0.048	0.044	0.043	0.043	0.036	0.043		
20 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (21)	0.203	0.047	0.041	0.049	0.043	0.044	0.042	0.046	0.056	0.053	0.042	0.038	0.040	0.038	0.037	0.039	0.038	0.039	0.037	
21 <i>Tapinoma nigerrimum</i> (11)	0.200	0.053	0.046	0.054	0.049	0.054	0.047	0.032	0.061	0.057	0.046	0.043	0.042	0.043	0.041	0.044	0.043	0.044	0.039	0.033

Família *Helitron*

De todos os 23 elementos descritos para *Helitron*, apenas dois puderam ser encontrados em outros organismos que não sejam relacionados intimamente com o gênero *Heliconius*. Os elementos que apareceram em outras espécies são: *Helitron-4_HMM* e *Helitron-like-8_Hmel*, ambos sendo encontrados nos genomas de *Athalia rosae* (Hymenoptera: Tenthredinidae) e *Acyrtosiphon pisum* (Hemiptera: Aphididae). A Tabela Suplementar 21 contém os resultados dos Blastn desses elementos.

O resultado de distâncias de *Helitron-4_HMM* em relação as sequências de outros organismos que não sejam *Heliconius* retornou apenas duas sequências. As sequências de *A. rosae* e *A. pisum* tem similaridade de 95% entre si. *A. rosae* tem uma similaridade de 82% em relação a sequência do ET. Por sua vez, *A. pisum* teve similaridade de apenas 79,5% em relação a sequência de *Helitron-4_HMM*. *A. rosae* é conhecida popularmente como mosca-serra, é uma espécie de himenóptero cuja lagarta se alimenta de Brassicaceae e são conhecidas por sequestrarem glicosinolatos dessas plantas e concentrá-los em sua hemolinfa (Opitz *et al.* 2010). Essas duas sequências são provenientes de uma helicase dependente de ATP semelhante a PIF-1.

O Blastn do elemento *Helitron-like-8_Hmel* resultou em apenas duas sequências. As sequências de *A. rosae* e *A. pisum* também tiveram uma similaridade de 95% entre si. *A. rosae* teve uma similaridade de 83,5% em relação ao ET. *A. pisum* teve uma similaridade de 81,3% com a sequência de *Helitron-like-8_Hmel*. *A. pisum* é conhecido como pulgão de ervilha, é um afídeo que possui uma plasticidade fenotípica transgeracional de acordo com as condições ambientais e de predação (Purandare *et al.* 2014). Essa espécie é considerada praga pois causa uma significativa perda de campos de ervilhas e muitos estudos são voltados a manejos de tratamento para evitar esses organismos (Aznar-Fernández *et al.* 2018).

Família *piggyBac*

A família *piggyBac* tem um total de 12 elementos descritos para *H. melpomene*. Apenas uma sequência, *piggyBac-2_Hmel*, obteve resultado com sequências provenientes de outros organismos que não sejam do gênero *Heliconius*. A sequência de *Chilo suppressalis* é proveniente de uma sequência de ET PLE1.1 que é um *piggyBac*. As demais sequências de lepidópteros que apareceram nesses resultados são relacionadas a sequências de proteínas que são derivadas de uma transposase de *piggyBac*. A Tabela Suplementar 22 mostra o resultado do Blastn obtido com esse elemento.

O resultado de distâncias das sequências de outros organismos em relação a *piggyBac-2_Hmel* encontram-se Tabela 26. *Chilo suppressalis* (Lepidoptera: Crambidae) teve uma das menores distâncias em relação a sequência do ET. Apresentou similaridade de 99,8% em relação ao *piggyBac-2_Hmel*. *C. suppressalis* teve similaridade de 99,1% e 99,2% em relação as sequências de *B. mori*, similaridades de 98,6% e 99,2% em relação as sequências de *S. litura*, similaridade de 99,6% em relação a sequência de *H. armigera* e de 98,5% em relação a sequência de *Papilio xuthus* (Lepidoptera: Papilionidae). São comuns no nordeste da Ásia, norte de Myanmar, sul da China, Japão, Sibéria e no Havai. É um lepidóptero comum em centros urbanos, suburbanos, florestas e pomares de laranja (Zhang *et al.* 2015). As sequências de *S. litura* tiveram similaridade de 99,3% e 98,8% em relação a sequência do ET. *S. litura* teve similaridade de 99% e 99,2% em relação as sequências provenientes de *B. mori*, de 99,2% em relação a outra sequência de *S. litura*, de 99,3% em relação a sequência de *H. armigera* e de 98,3% em relação a *P. xuthus*. *P. xuthus* teve similaridade de 98,7% em relação ao ET, de 98,4% e 98,7% em relação as sequências de *B. mori*, de 97,1% em relação a *S. litura* e de 98,5% em relação a sequência de *H. armigera*. *H. armigera*, assim como *C. suppressalis*, teve uma similaridade de 99,8% em relação a sequência de *piggyBac-2_Hmel*. Em relação as demais sequências relacionadas obtiveram uma similaridade de 99% e de 99,8% em relação as sequências de *B. mori* e de 99% em relação a sequência de *S. litura*. A sequência de *S. litura* (14) teve similaridade de 98,8% em relação a sequência do ET e similaridades de 98,6% e 98,8% em relação as sequências de *B. mori*. As sequências de *B. mori* tiveram maior distância entre si, tendo, portanto, similaridade de 99,2% dentro da espécie, e similaridades de 99,4% e 99,6% em relação a sequência de *piggyBac-2_Hmel*. Todas as sequências de lepidópteros que apareceram nessa análise, exceto *C. suppressalis*, são sequências provenientes de proteínas que parecem ser derivadas

de proteínas que são semelhantes a transposases de elementos *piggyBac*. *C. suppressalis* é um lepidóptero conhecido como broca do arroz e tem importância econômica na Ásia, onde é considerada praga por atacar esse tipo de cultivo (Cao *et al.* 2018).

Tabela 26- Resultados da análise de distâncias entre as sequências de outros organismos em relação ao *piggyBac-2_Hmel* com outros organismos

	1	2	3	4	5	6	7
1 <i>piggyBac-2_Hmel</i>							
2 <i>Bombyx mori</i> (18)	0.006						
3 <i>Bombyx mori</i> (19)	0.004	0.008					
4 <i>Spodoptera litura</i> (14)	0.012	0.014	0.012				
5 <i>Helicoverpa armigera</i> (16)	0.002	0.010	0.008	0.010			
6 <i>Papilio xuthus</i> (6)	0.013	0.016	0.013	0.021	0.015		
7 <i>Spodoptera litura</i> (15)	0.007	0.010	0.008	0.008	0.007	0.017	
8 <i>Chilo suppressalis</i> (1)	0.002	0.009	0.008	0.014	0.004	0.015	0.008

Análise de Genomas

Dados referentes aos genomas de borboletas *Heliconius* e a busca para a descrição dos elementos que possam estar contidos dentro desses genomas ainda estão sendo rodados até a presente data. Os genomas referentes à: *H. heurippa*, *H. xanthocles*, *H. ethilla aerotome*, *H. hecuba flava*, *H. elevatus bari*, *H. ismenius*, *H. pardalinus sergestus* e *H. timareta* já se encontram baixados e estão aguardando as análises posteriores. Os genomas de: *H. melpomene*, *H. hierax*, *H. wallacei*, *H. hecale felix* e *H. numata bicoloratus* estão fase de pré-processamento na plataforma Galaxy. Os genomas referentes a *H. pachinus* e *H. cydno cordula* ainda estão em fase de download via FTP. Dados mais completos referentes as análises de caracterização da presença das famílias de ETs que possam estar presentes nesses genomas não foram finalizados e não se encontram nessa dissertação devido ao motivo de urgência para a entrega do trabalho.

DISCUSSÃO

Caracterização de Ets presentes nos genomas de *Heliconius*

Existem 15 genomas de borboletas *Heliconius* disponíveis no banco de dados do NCBI, mas a descrição a respeito dos ETs que constituem esses genomas ainda está restrita a espécie de *H. melpomene*, única que possui dados de ETs disponíveis no RepBase. Apenas dois estudos, Papa e colaboradores de 2008 e Lavoie e colaboradores de 2013, fizeram uma abordagem sobre a presença de elementos repetitivos nos genomas de *Heliconius*. O primeiro fez um mapeamento de genomas comparativo das espécies *H. erato* e *H. melpomene*, duas espécies mímicas, com o intuito de mapear genes de padrão de cores das asas (*D* e *Cr*) e encontraram uma estrutura que parece ser muito conservada em lepidópteros. Durante esse mapeamento, eles também foram capazes de averiguar a diferença de tamanho de genomas entre essas duas espécies, sendo que o genoma de *H. erato* é cerca de 30% maior que o genoma de *H. melpomene*, e notaram que essas áreas de expansão de genomas foram associadas a presença de elementos repetitivos que constituem cerca de 26% do genoma de *H. erato* e 20% do genoma de *H. melpomene*. Foram capazes de indicar a presença de elementos *Mariner*, *Gypsy*, retrotransposon *LTR* e retrotransposon sem *LTR*, e identificaram um padrão em relação a essas sequências repetitivas que é consistente com processos de replicação, inserção seguido por degradação mutacional. Já no segundo trabalho, foi efetuada uma caracterização completa e identificação dos elementos transponíveis dentro do genoma de *H. melpomene*. Lavoie e colaboradores determinaram que o genoma de *H. melpomene* possui cerca de 25% do genoma composto por ETs, sendo que a classe predominante são retrotransposon sem *LTR* que ocupam cerca de 12% do genoma. Conseguiram determinar que o conteúdo de transposons de DNA é bastante diverso e que existe alto “turnover” de elementos no genoma de *H. melpomene* com apenas algumas famílias mais antigas.

O presente projeto visa estabelecer a caracterização de ETs que estejam presentes nos demais genomas de *Heliconius* que estão disponíveis nos bancos de dados. Estabelecer quais famílias fazem parte dos genomas assim como a suas porcentagens em relação ao tamanho total do genoma é essencial para trazer luz sobre o processo de história natural desse gênero. Já foi averiguado a importância dos ETs atuando para moldar os genomas

hospedeiros, modificando redes regulatórias e servindo como material para evolução dos organismos. Delimitar a presença desses elementos nos genomas, portanto, se faz crucial. Oito dos 14 genomas disponíveis já foram baixados e estão aguardando as análises. Cinco genomas já passaram pela etapa de pré-processamento e estão aguardando serem submetidos a clusterização para depois serem analisados por ferramentas que permitam quantificar os ETs em cada genoma e delimitar as famílias que eles pertencem. Outros dois genomas ainda estão aguardando o download para prosseguir o processamento das informações. Maiores informações a respeito dessas análises não foram finalizadas para esta dissertação devido a urgência em se seguir prazos estabelecidos, mas estão em vias de serem finalizados.

ETs de *H. melpomene* em outras espécies: eventos de transposição?

Os resultados de Blastn das sequências de *Heliconius* em relação aos elementos descritos para *H. melpomene* que resultaram em sequências com valores máximos de e-value de 1-e10, comprimentos mínimos de 150 pares de bases e eram pertencentes as espécies *H. numata* e *H. erato*. Algumas sequências possuíam a identificação relacionada as subespécies de *H. erato emma* e *H. erato favorinus*. Nenhuma das outras espécies de *Heliconius* que possuem dados disponíveis no banco de dados do NCBI apresentou essa característica de e-value para fazer parte da pesquisa. Essas três espécies (*H. melpomene*, *H. erato*, *H. numata*) apresentam sobreposição geográfica na região Neotropical (Sheppard PM *et al.* 1985, Brown KS 1979). As análises de similaridades entre as sequências de borboletas em relação aos elementos descritos mostraram resultados de similaridades de no mínimo 80% para elementos pertencentes tanto a Classe I quanto aos elementos pertencentes a Classe II. Em relação aos elementos de Classe I, 19 dos 174 elementos que foram descritos para *H. melpomene* apresentaram resultados de similaridade com valores mínimos de 80% em relação as sequências de *Heliconius*. Isso resulta em cerca de 10,9% de elementos de Classe I que foram descritos para *H. melpomene* e que foram encontrados em outras espécies dentro do mesmo gênero. Esses 19 elementos são pertencentes as superfamílias: *RTE*, *Gypsy* e *LTR*, *I*, *CRI*, *Daphne*, *R1*, *R4*, *Dong*, e *Proto2* e esses elementos tiveram similaridades com as espécies *H. numata*, *H. erato*, *H. erato favorinus* e *H. erato emma*. O elemento *RTE-11-HMM* foi o elemento de Classe I que teve maior similaridade, 99,9% em relação a uma sequência proveniente de *H. numata*. Dentro dessas famílias, os elementos *SART-1-HMM* e o *SART-1B-HMM* da família R1, seguido pelo elemento *I-2B_HMM* da família I, foram os

que apresentaram menor similaridade encontrada dentro dos resultados dos elementos de Classe I, com similaridades de 89,9%, 90,2% e 81,1% respectivamente, sendo ambos elementos *SART* referentes as sequências *H. erato*, e o elemento pertencente a superfamília *I* é proveniente de *H. numata*.

Em relação aos elementos de Classe II, 28 dos 95 elementos que foram descritos para *H. melpomene* apresentaram resultados de similaridade com valores mínimos de 80% com sequências provenientes de borboletas do mesmo gênero. Isso resulta em cerca de 29,4% do total de elementos de Classe II que foram descritos para *H. melpomene* que apresenta alguma similaridade com sequências provenientes de outras *Heliconius*. Esses 30 elementos representam 6 famílias: *Mariner*, *Helitron*, *REP*, *piggyBac*, *DNA* e *hAT*. Três elementos da família *Mariner* apresentaram similaridades com sequências provenientes de *H. numata* com valores que variaram de 94,4 - 99,4%. A família *Helitron* é que teve maior representação em outros genomas, com 12 elementos sendo encontrados em espécies de *H. numata* e *H. erato*. Os valores de *H. numata* variaram de 82,5% até a completa similaridade com o elemento *Helitron-N2_HMM*. As sequências de *H. erato* tiveram semelhanças em relação aos elementos de *H. melpomene* com valores que variaram 86,2 - 88%. A família *REP* é formada por um único elemento, e apresentou similaridades em relação a *H. numata* com valores de 92,4% 99,1%. Três elementos da família *piggyBac* apresentaram similaridades em relação as sequências de *H. numata* com valores que variaram de 85,2- 98,5%.

As espécies de *Heliconius erato*, *H. numata* e *H. melpomene* tem sobreposição de suas distribuições geográficas. *H. erato* e *H. melpomene* são mímicos, possuindo praticamente o mesmo padrão de cores que é diferenciado para cada localidade e que atua como um alerta da sua impalatabilidade para os predadores visualmente orientados (normalmente aves). Uma representação a respeito da distribuição dessas duas espécies se encontra na imagem retirada do trabalho de Hines e colaboradores de 2011, que consta na Figura 9.

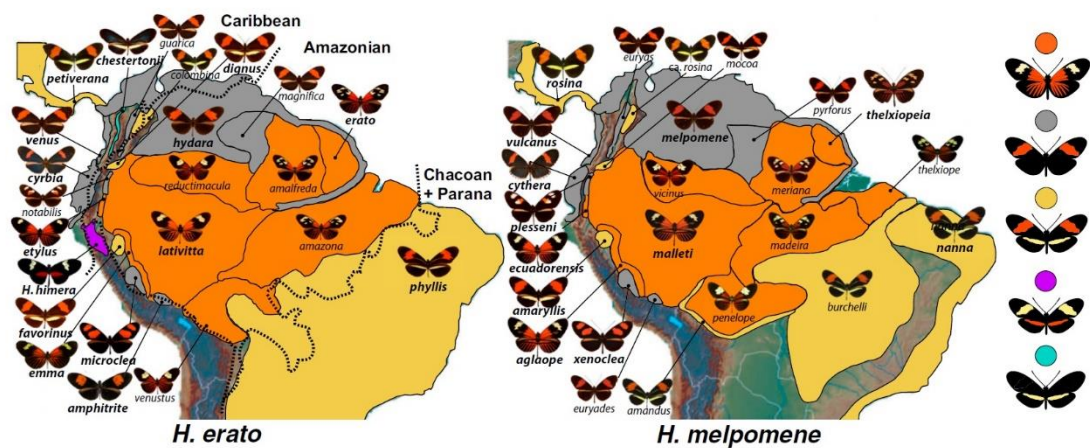


Fig. 1. The parallel radiation of mimetic color-pattern complexes in *H. erato* and *H. melpomene*. Each region demarcates the boundaries of a different color pattern and is colored based on broad categorization of the color patterns. The highly divergent races/incipient species are indicated with separate colors. This characterization excludes differences in the shape of the forewing band, which is quite variable among races. Races sampled have larger images and names. Dashed lines are boundaries of the major biotic domains for this region recognized by Morrone (25). This figure was redrawn using the range maps in refs. 2 and 8.

Figura 9- Distribuição de *H. erato* e *H. melpomene*, Hines et al. 2011

H. numata faz parte do clado silvaniforme e possui padrão de cores distinto do encontrado em relação as duas espécies anteriores. Mas, assim como *H. melpomene* e *H. erato*, *H. numata* também tem uma distribuição geográfica similar. A Figura 10 contém a representação a distribuição de *H. numata* e foi retirada do trabalho de Brown 1979.

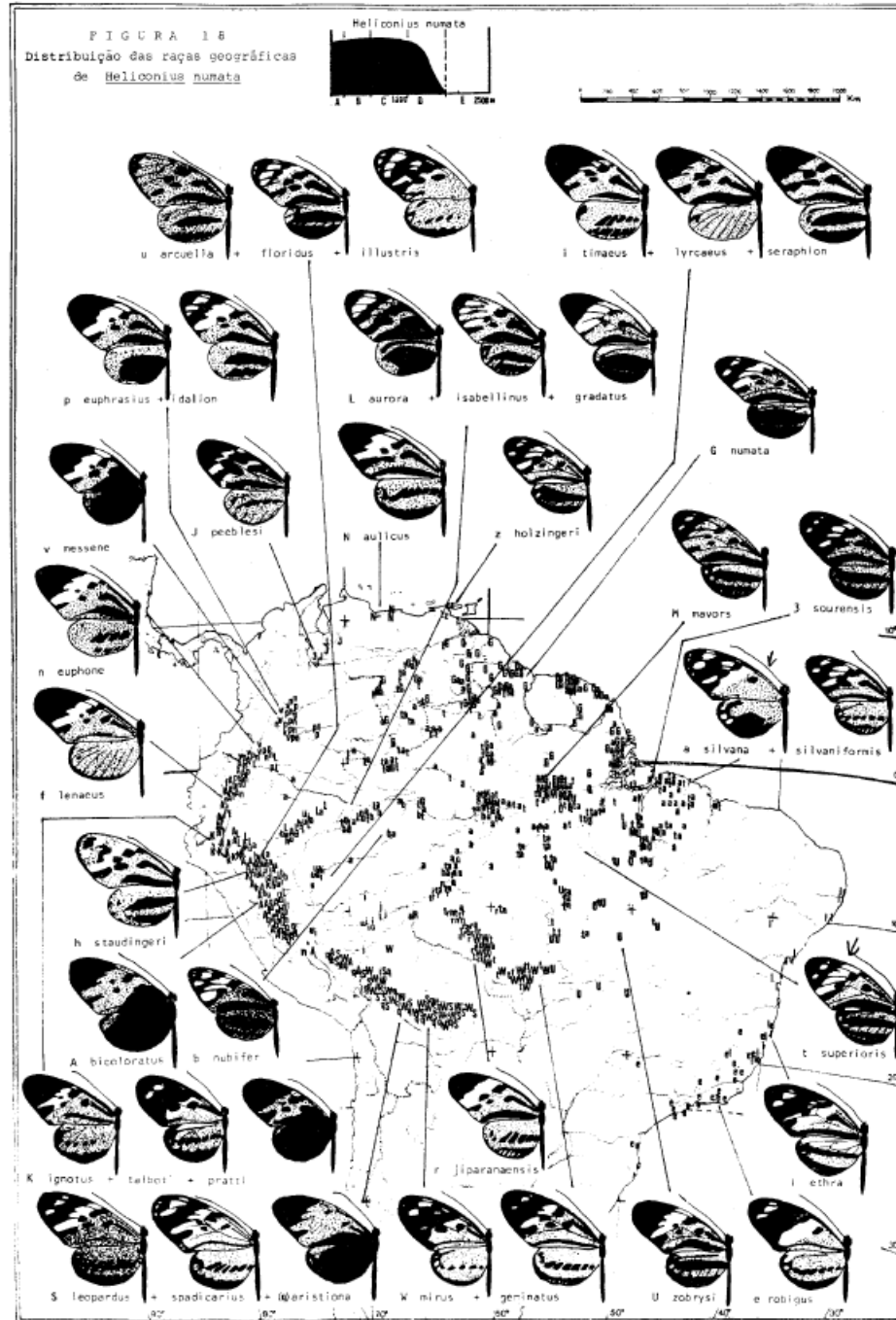


Figura 10- Distribuição *H. numata* Brown (1979)

A sobreposição geográfica de espécies aparece como um facilitador para eventos de TH, visto que a convivências de espécies numa mesma área torna mais frequente a possibilidade de um segmento de um genoma de um organismo ser adquirido por outro. Vetores distintos podem atuar na transferência de segmentos entre espécies distintas que

utilizem a mesma área. Os principais vetores encontrados e documentados até o momento são vírus e organismos parasitos. Vírus possuem a capacidade intrínseca de “injetar” seu material genético nas células hospedeiras, e também tem a capacidade de capturar segmentos dos genomas de seus hospedeiros (Gilbert *et al.* 2017). Organismos parasitos também podem atuar como facilitadores de TH. Existe documentação referente a análises de TH entre fungos microsporidas parasitos intracelulares e *B. mori*. Esses parasitos possuem um genoma maior do que o esperado para organismos parasitos, e uma característica do genoma desses organismos é a presença de sequências de ET *piggyBac* característicos de *B. mori*, indicando que houve uma transferência de material genético entre essas duas espécies (Pan *et al.* 2013).

Além do fato dessas três espécies de *Heliconius* terem uma distribuição geográfica que se sobrepõem, existe outro detalhe que chama atenção para a suspeita de ocorrência de TH entre esses organismos, que é a distribuição filogenética desses organismos. Embora essas espécies pertençam ao mesmo gênero, elas não ficam no mesmo clado, e além disso, os ETs de *H. melpomene* que tiveram similaridade com as sequências presentes em *H. erato* e *H. numata* não aparecem em nenhuma outra espécie relacionada, o que acaba caracterizando a presença desses elementos em manchas (Wallau *et al.* 2012). Essa presença em manchas dos ETs em relação a filogenia das espécies relacionadas pode ser considerada um indício de que tenha ocorrido TH entre essas espécies de *Heliconius*. A filogenia dessas borboletas pode ser vista na imagem retirada do trabalho de Merrill *et al.* 2015, que se encontra na Figura 11.

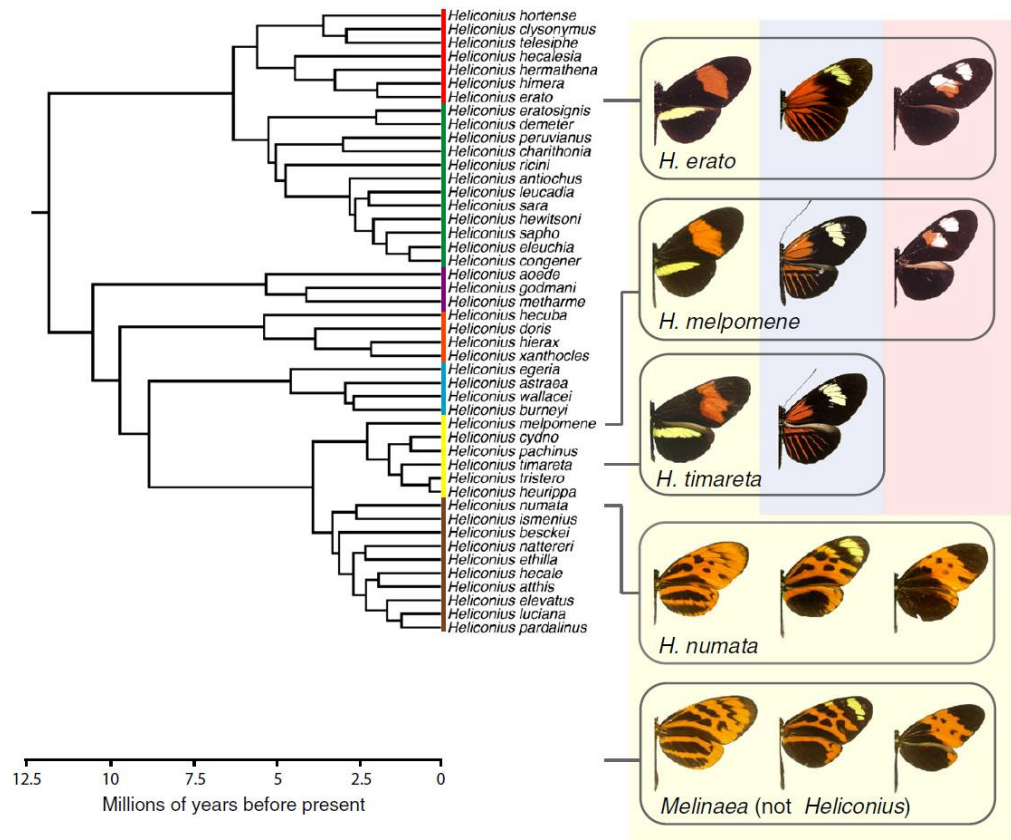


Fig. 1 *Heliconius* mimicry in its phylogenetic context. Mimicry is observed between closely related *Heliconius* species (e.g. *H. melpomene* and *H. timareta*), between distantly related *Heliconius* species (e.g. *H. melpomene* and *H. erato*) and between *Heliconius* and heterogeneric species (e.g. *H. numata* and *Melinaea* spp.). Coloured background boxes indicate taxa that co-occur geographically. Vertical colours indicate subclades: erato = red; sara/sapho = green; aeode = purple; orange = doris; wallacei = blue; melpomene = yellow; silvaniform = brown. Phylogeny after Kozak *et al.* (2015).

Figura 11- Filogenia de *Heliconius*. Merrill *et al.* 2015.

Em relação aos elementos de Classe I, apenas um elemento de *Proto2* pode ser encontrado em outros genomas, que no caso foi referente a *A. transitella*, um lepidóptero. Os elementos de Classe II tiveram cerca de 7,36% de seus elementos descritos para *H. melpomene* com alguma similaridade em relação a sequências de outros organismos. Portanto, assim como ocorreu dentro do gênero *Heliconius*, na pesquisa mais abrangente encontramos mais elementos de Classe II que podem estar relacionados com outros organismos do que aqueles elementos que são pertencentes a Classe I.

A presença desses elementos que foram descritos para *H. melpomene* em outros organismos, sejam eles pertencentes ao mesmo gênero ou que não sejam intimamente relacionados, sugere que pode ter ocorrido transferência horizontal entre os envolvidos. TH de genes e ETs tem sido documentadas em diversas espécies. TH são comuns e bem

entendidas quando se trata de organismos procariotos, mas pouco se sabia a respeito da ocorrência de TH em organismos eucariotos, e quando ocorrem, elas parecem estar relacionadas com a transferência de elementos transponíveis (Peccoud *et al.* 2017). Tentar compreender como os ETs se relacionam com os genomas hospedeiros tem sido uma questão levantada desde quando eles foram descobertos por Barbara McClintock (Kidwell 1993). O modo de transposição de cada classe de elemento faz com que eles tenham histórias evolutivas diferentes. Foi evidenciado que existe um gradiente em relação aos incidentes de TH, que reflete um maior número de transferências ocorrendo nos elementos de Classe II (referência). Parece que ter intermediários de DNA e o elemento ter uma auto-regulação sobre os seus mecanismos de transposição dentro do genoma parecem ser essenciais para facilitar o processo de TH. Elementos com intermediários mais estáveis tendem a ter maior sucesso nos eventos de transposição entre diferentes espécies. TH parecem ser mais frequentes em retrotransposons LTR e transposons de DNA do que aqueles elementos retrotransposons não LTR (Silva *et al.* 2004), o que aumenta nossas suspeitas da ocorrência de eventos de TH terem ocorrido entre as espécies analisadas, visto que tanto na análise dentro do gênero como na análise em outros organismos houve mais resultados em relação aos elementos de Classe II do que daqueles elementos pertencentes a Classe I.

Estudos recentes indicam a ocorrência de TH entre Lepidoptera e Hymenoptera mediado por vírus e podem ser muito mais frequentes do que se pensava. Baculovírus e outros vírus de DNA podem capturar sequências de seus hospedeiros, em sua maioria sequências de ET, e transferir mais tarde para outros insetos. Ocasionalmente pode ocorrer a transferência para as células germinais dos insetos, e essas sequências podem atuar como atalho para o organismo receptor adquirir novas funções (Drezen *et al.* 2017). Além de baculovírus, os bracovírus, vírus simbióticos de vespas parasitóides, também parecem atuar como vetores de transferência de material genético entre esses insetos. Foi identificado nessas espécies virais de baculovírus a presença de novas integrações de ETs, sendo que genes provenientes de bactérias também parecem fazer parte desse fluxo de material genético e tem sido transmitido principalmente em relação as espécies de nematódeos, lepidópteros e himenópteros. Foi averiguado também que sequências de genes virais cuja origem é Hymenoptera podem ser co-optados por Lepidoptera e conferir uma proteção em relação a patógenos (Drezen *et al.* 2017 (2)). Além disso, a tomada dessas sequências pelas espécies virais também permite ao vírus uma fonte potente de diversidade genética, e os

baculovírus tem sido apontado como principais agentes de TH de ET nas espécies de lepidópteros. Essa capacidade de baculovírus de atuarem como vetores de transmissão de ETs pode ter sido um pouco exacerbada visto que eles têm sido utilizados como biopesticidas, o que permite aos ETs se espalharem entre as populações diversas de insetos (Gilbert *et al.* 2016).

Além da possibilidade de TH, outras explicações alternativas podem estar relacionadas a presença desses elementos nos outros genomas não relacionados a *H. melpomene*. Vale notar que os resultados das análises desse trabalho, seja os resultados dentro do gênero *Heliconius* ou os de espécies mais distantes ao gênero, mostram uma alta similaridade entre as sequências analisadas, e uma distribuição em manchas, onde um elemento pode ser encontrado em um genoma de borboleta e em outro genoma mais afastado, mas não se encontra presente nos genomas de espécies mais proximamente relacionados, o que instiga a suspeita de ocorrência de TH. Porém, o complexo ciclo de vida dos próprios ETs pode gerar padrões de distribuições entre as espécies que se assemelham aos produzidos por TH, como as degenerações das sequências, eventos de perda estocástica e taxas evolutivas diferentes a que eles estejam sujeitos (Wallau *et al.* 2012).

A distribuição em manchas desses elementos em relação a presença em certas espécies hospedeiras, mas não em outras, pode ser devido a degeneração natural dos ETs que pode ocorrer nos genomas hospedeiros, ou pode ser devido ao polimorfismo ancestral e perda estocástica combinados. Outra forma de explicar essa distribuição em diferentes espécies pode ser devido a domesticação do ET pelos genomas hospedeiros (Carareto 2015). Uma das formas de averiguar se um elemento está de fato sendo transferido horizontalmente é avaliar o número de substituições sinônimas por sítio sinônimo (dS) do ET em relação a genes constitutivos do hospedeiro ou do genoma hospedeiro, se este estiver disponível. Se o ET tiver um dS significativamente menor que o dS dos genes constitutivos (ou genoma) é provável que ele tenha sofrido uma TH entre as espécies que já passaram por isolamento reprodutivo. Esse valor diferenciado se dá devido a um menor tempo do ET dentro do genoma hospedeiro, o que faz com que ele tenha menor acúmulo de substituições sinônimas em relação aos genes do hospedeiro. A comparação de viés de uso de códon pode ser utilizada para aquelas espécies que são distantemente relacionadas, pois o viés de uso de códon entre espécies próximas normalmente é baixo, o que não permite identificar uma TH que tenha ocorrido entre essas espécies. Essas análises de dS e viés de uso de códon devem

estar associadas aos outros indícios, como o aparecimento em manchas, incongruência filogenética entre o ET com a filogenia do hospedeiro e alta similaridade das sequências nos diferentes genomas (Carareto 2015, Wallau *et al.* 2012).

ETs: Características e importância de estudo

As características particulares de cada família de ET podem facilitar ou não os seus eventos de transposição dentro do genoma hospedeiro, facilitar a sua transferência para outros genomas ou ainda podem servir para o entendimento de como ocorre esses eventos de endogeneização de material genético exógeno na célula. Em *Drosophila* foi verificado que o elemento *piggyBac* pode ter a capacidade de se transferir para outros genomas através da aquisição do gene de capsídeo viral *env* de baculovírus, tornando ele um errantivírus. Na falta desse gene que produz esse envelope o *piggyBac* se torna um retrotransposon LTR, o que demonstra um sistema dinâmico e instável de um retrotransposon LTR e um retrovírus infeccioso (Touret *et al.* 2014). Esses elementos *piggyBac* são muito utilizados em engenharia genética pois atuam como excelentes vetores para a inserção de sequências de material genético para a transformação de organismos (Balu *et al.* 2005). O primeiro elemento *piggyBac IFP2* foi originalmente descoberto por Fraser em 1983 como sendo elementos repetitivos nas linhagens do lepidóptero *Trichoplusia ni* e após isso, ele foi isolado e utilizado como vetor para a transformação de linhagens germinais de uma ampla variedade de insetos (Handler *et al.* 2008).

Mariner são ETs bastante antigos e algumas subfamílias parecem ter aparecido há cerca de 200-300 milhões de anos, muito antes da divergência de artrópodes (Kidwell 1993). Os *Mariner* são amplamente distribuídos nos genomas de eucariotos, e a característica que pode estar associada a essa ampla distribuição pode ser devido ao uso de intermediários de DNA, que é uma característica dos elementos pertencentes a Classe II, e que permite uma maior estabilidade do ET garantindo o sucesso da sua transferência (Wallau *et al.* 2012). Peccoud e colaboradores indicaram no seu estudo de 2017 uma alta taxa de TH ocorrendo entre genomas de insetos. Os resultados indicam que cerca de 2248 eventos de TH de transposons ocorreram nos últimos 10 milhões de anos nos genomas desses organismos. A proximidade geográfica e as relações filogenéticas entre os organismos são essenciais para a ocorrência de TH, que se mostrou de grande importância para a evolução dos genomas de

insetos. Eles puderam averiguar que a maior taxa de TH ocorre em elementos de Classe II entre as famílias de ET pertencentes à *Mariner* e *Helitron* (Peccoud *et al.* 2017).

Helitrons foram originalmente descobertos nos genomas de *Arabidopsis*, arroz e *Caenorhabditis elegans* e são classificados como elementos transponíveis de DNA. Esses ETs possuem um sistema de transposição que é bastante diferente dos demais elementos de DNA, utilizando um mecanismo de “*rolling circle*”, onde é formado um fragmento circular em que os elementos intactos podem codificar proteínas que incluem um iniciador de replicação (Rep) e domínios de helicase, dois elementos que são essenciais para o seu processo de transposição. Esses dois elementos genéticos são bem conhecidos e também são necessários para espécies de bactérias que utilizam esse mecanismo de transposição circular. Os *Helitron* têm preferência de se inserir em regiões intrônicas e têm sido identificados em quase todos os genomas de eucariotos. Esses elementos variam muito em relação ao tamanho de suas sequências, mesmo dentro da mesma família, em parte porque diferentes fragmentos de genes do hospedeiro são capturados por esses elementos e também variam em relação a sua abundância de elementos dentro dos genomas de insetos, o que parece ser devido as transferências horizontais (Han *et al.* 2013). Já foi documentado que *Helitron* podem adquirir sequências dos genomas hospedeiros e sofrer TH entre espécies de lepidópteros através de vetores virais. Essas transferências através de partículas virais pode ser um dos motivos deles serem amplamente distribuídos entre os táxons (Coates 2015).

Diversos elementos têm sido documentados como sendo importantes na evolução dos genomas de seus hospedeiros. Foi encontrado em *B. mori* uma inserção de parcial de ET *Taguchi* em uma região cis-regulatória do gene ecdisona oxidase, que é essencial para a redução do hormônio 20-hidroxiecdisona. Foi verificado que essa inserção se deu na época da ocorrência da domesticação dessa espécie, o que demonstra a importância dos ETs atuando sobre os genomas nos processos de domesticação (Sun *et al.* 2014). Elementos *piggyBac* são frequentemente associados aos processos de domesticação pelos genomas de hospedeiros. Os genomas dos hospedeiros conseguem aproveitar os centros catalíticos dos elementos dessa família para uso de diferentes funções celulares (Sarkar *et al.* 2003).

Além dessas características breves a cerca desses elementos comentados, os ETs são de grande importância devido as modificações rápidas que eles podem efetuar dentro dos genomas. As expansões de genomas, embaralhamento de sequências, atuar modificando redes regulatórias podem gerar grandes modificações nos organismos e são uma fonte de

variabilidade que pode permitir o genoma hospedeiro a usar essas modificações para suas próprias funções celulares. Muitas inserções de ETs podem ser deletérias, mas podem também atuar de forma positiva na seleção dos organismos, como visto da associação de elementos *piggyBac* a genes CYP que são essenciais para detoxificação e permite populações se tornarem resistentes a certos pesticidas (Chen *et al.* 2007, Joly-Lopes *et al.* 2018). A maior presença de elementos de Classe II descritos para *H. melpomene* nos genomas de *H. numata*, *H. erato* e em outros insetos pode ser devido a TH mediada por algum vetor que pode ter ocorrido em algum momento da evolução dessas espécies. Outras abordagens devem ser feitas para averiguar qual hipótese explica melhor esses dados.

CONCLUSÃO

Os resultados preliminares desse estudo nos trazem muito mais questões do que respostas. Compreender como os elementos transponíveis podem estar atuando ou atuaram na diversificação e evolução de borboletas *Heliconius* é uma questão que ainda permanece aberta e se apresenta como uma área com grande potencial de pesquisa. Pode-se afirmar que a presença desses elementos já descritos dentro de diferentes espécies e nos genomas de *H. numata* e *H. erato* nos instiga a investigar de modo mais preciso quais são os processos responsáveis por essa distribuição encontrada. Avaliar as dS dos ETs, dos genes constitutivos dos organismos e dos genomas de *Heliconius* e o viés de uso de códon parece ser um próximo passo para se descartar ou validar a hipótese de TH. A análise de conteúdo total de TEs nos genomas de *Heliconius* disponíveis trarão mais informações essenciais para que se possa ter uma visão mais ampla de como os genomas dessas borboletas podem estar relacionados entre si, quais novos elementos que possam ser únicos em cada genoma e como as famílias de ETs podem estar atuando dentro desses genomas. A questão quanto a possível captação de determinados ETs, ou de partes deles, para o uso de funções celulares do hospedeiro ainda permanece em aberto. É intrigante pensar na conexão da presença de diferentes elementos transponíveis na evolução dessas borboletas que possuem características tão peculiares em relação a sua biologia. Mais estudos são necessários para poder solucionar essas questões abordadas sobre evolução de *Heliconius* e de seus elementos transponíveis associados.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Aznar-Fernández T, Cimmino A, Masi M, Rubiales D, Evidente A (2018) Antifeedant activity of long-chain alcohols, and fungal and plant metabolites against pea aphid (*Acyrtosiphon pisum*) as potential biocontrol strategy. Natural Product Research. DOI: 10.1080/14786419.2018.1452013.

Balu B, Shoue DA, Fraser MJ Jr, Adams JH (2005) High-efficiency transformation of *Plasmodium falciparum* by the lepidopteran transposable element *piggyBac*. PNAS 102(45):16391-16396.

Benson WW (1972) Natural selection for Mullerian Mimicry in *Heliconius erato* in Costa Rica. Science 176: 936-939.

Bilal M, Freed S, Ashraf MZ, Zaka SM, Khan MB (2018) Activity of acetylcholinesterase and acid and alkaline phosphatases in different insecticide-treated *Helicoverpa armigera* (Hübner). Environmental Science and Pollution Research <https://doi.org/10.1007/s11356-018-2394-3>.

Bonacci T, Vercillo V (2015) Outdoor post-mortem bite injuries by *Tapinoma nigerrimum* (Hymenoptera, Formicidae) on a human corpse: Case report. Journal of Forensic and Legal Medicine 33:5-8.

Brown KS (1979) Ecologia Geográfica e Evolução nas Florestas Neotropicais. Campinas, Brasil: Universidade Estadual de Campinas.

Brown KS (1981) The biology of *Heliconius* and related genera. Annual Review of Entomology 26: 427-456.

Burch JBE, Davis DL, Haas NB (1993) Chicken repeat 1 elements contain a *pol*-like open reading frame and belong to the non-long terminal repeat class of retrotransposons. PNAS. 90: 8199-8203.

Burns KH, Boeke JD (2012) Human transposon tectonics. Cell 149: 740-752.

Burt A, Trivers R (2006) Genes in conflict: the biology of selfish genetic elements. The Belknap Press of Harvard University Press.

Bush DS, Lawrance A, Siegel JP, Berenbaum MR (2017) Orientation of navel orangeworm (Lepidoptera: Pyralidae) larvae and adults toward volatiles associated with almond hull split and *Aspergillus flavus*. *Environmental Entomology* 46(3): 602-608.

Cao Y, Yang Q, Tu XH, Li SG, Liu S (2018) Molecular characterization of a typical 2-Cys thioredoxin peroxidase from the Asiatic rice borer *Chilo suppressalis* and its role in oxidative stress. *Insect Biochemistry and Physiology* DOI:10.1002/arch.21476.

Capy P, Bazin C, Higuët D, Langin T (1998) Dynamics and evolution of transposable elements. Library of Congress. Landes Bioscience and Chapman & Hall.

Carareto CMA (2015) Elementos de transposição: diversidade, evolução, aplicação e impacto nos genomas dos seres vivos. Organizado por Claudia Marcia Aparecida Carareto, Claudia Barros Monteiro-Vitorello e Marie-Anne Van Suys. Rio de Janeiro: Sociedade Brasileira de Genética. Editora Fiocruz.

Casacuberta E, González J (2013) The impact of transposable elements in environmental adaptation. *Molecular Ecology* 22(6):1503-1517.

Chen S, Li X (2007) Transposable elements are enriched within or in close proximity to xenobiotic-metabolizing cytochrome P450 genes. *BMC Evolutionary Biology*. 7: 46. Doi: 10.1186/1471-2148-7-46.

Coates BS (2015) Horizontal transfer of non-autonomous Helitron among insect and viral genome. *BMC Genomics* 16:137. Doi: 10.1186/s12864-015-1318-6

Craddock EM (2016) Profuse evolutionary diversification and speciation on volcanic islands: transposon instability and amplification bursts explain the genetic paradox. *Biology Direct*. 11:44. Doi: 10.1186/s13062-016-0146-1.

Drezen J-M, Gauthier J, Josse T, Bézier A, Herniou E, Huguet E (2017) Foreign DNA acquisition by invertebrate genomes. *Journal of Invertebrate Pathology* 147: 157-168.

Drezen JM, Josse T, Bézier A, Gauthier J, Huguet E, Herniou EA (2017) Impact of lateral transfers on the genomes of Lepidoptera. *Genes* 8:315. Doi: 10.3390/genes8110315.

Edgar RC (2004) MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Research* 32(5):1792-1797.

Engler HS, Spencer KC, Gilbert LE (2000) Preventing cyanide release from leaves. *Nature* 406:144-145.

Feschotte C (2008) Transposable elements and the evolution of regulatory networks. *Nature* 9:397-405.

Finnegan DJ (1989) Eukaryotic transposable elements and genome evolution. *Trends Genet* 5:103-107.

Gao D, Chu Y, Xia H, Xu C, Heyduk K, Abernathy B, Ozias-Akins P, Leebens-Mack JH, Jackson SA (2017) Horizontal transfer of Non-LTR retrotransposons from Arthropods to Flowering Plants. *Molecular Biology and Evolution*. 35(2): 354-364. Doi: 10.1093/molbev/msx275.

Gilbert C, Cordaux R (2017) Viruses as vector of horizontal transfer of genetic material in eukaryotes. *Current Opinion in Virology* 25:16-22.

Gilbert C, Peccoud J, Chateigner A, Moumen B, Cordaux R, Herniou EA (2016) Continuous influx of genetic material from host to virus populations. *PLOS Genetics* 12(2):e1005838. Doi: 10.1371/journal.pgen.1005838.

Handler AM (2001) A current perspective on insect gene transformation. *Biochemistry and Molecular Biology* 31:111-128.

Handler AM, Zimowska GJ, Armstrong KF (2008) Highly similar *piggyBac* elements in *Bactrocera* that share a common lineage with elements in noctuid moths. *Insect Molecular Biology* 17(4): 387-393.

Hines HM, Counterman BA, Papa R, de Moura PA, Cardoso MZ, Linares M, Mallet J, Reed RD, Jiggins CD, Kronforst MR, McMillan WO (2011) Wing patterning gene redefines the mimetic history of *Heliconius* butterflies. *PNAS* 108(49): 19666-19671. Doi: 10.1073/pnas.1110096108.

Hoffmann FG, McGuire LP, Counterman BA, Ray DA (2015) Transposable elements and small RNAs: Genomic fuel for species diversity, *Mobile Genetic Elements* 5(5): 63-66. DOI: 10.1080/2159256X.2015.1066919.

Jin-Shan X, Qing-You X, Guo-Qing P, Ze-Yang Z (2005) Survey of long terminal repeat retrotransposons of domesticated silkworm (*Bombyx mori*). *Insect Biochemistry and Molecular Biology* 35: 921-929.

Joly-Lopez Z, Bureau TE (2018) Exaptation of transposable element coding sequences. *Current opinion in Genetics & Development*. 49: 34-32.

Jordan IK, Rogozin IB, Glazko GV, Koonin EV (2003) Origin of a substantial fraction of human regulatory sequences from transposable elements. *Trends Genetics* 19(2):68-72.

Joron M, Jiggins CD, Papanicolaou A, McMillan WO (2006) Heliconius wing patterns: an evo-devo model for understanding phenotypic diversity. *Heredity* 97:157-167.

Kidwell MG (1993) Voyage of an ancient *mariner*. *Nature* 362:202.

Koonin EV (2012) *The Logic of Chance: The Nature and Origin of Biological Evolution*. Pearson Education, FT Press Science.

Kozak KM, Wahlberg N, Neild AF, Dasmahapatra KK, Mallet J, Jiggins CD (2015) Multilocus species trees show the recent adaptive radiation of mimetic Heliconius butterflies. *Systematic Biology* 64(3): 505-524.

Kumar S, Stecher G, Tamura K (2016) MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger dataset. *Molecular Biology and Evolution* 33:1870-1874.

Lavoie CA, Platt II RN, Novick PA, Counterman BA, Ray DA (2013) Transposable element evolution in *Heliconius* suggests genome diversity within Lepidoptera. *Mobile DNA* 4:21.

Lazareva E, Lezzhov A, Vassetzky N, Solovyev A, Morozov S (2015) Acquisition of Full-Length Viral Helicase Domains by Insect Retrotransposon-Encoded Polypeptides. *Frontiers in Microbiology* 6:1447. Doi: 10.3389/fmicb.2015.01447

Lisch D, Bennetzen JL (2011) Transposable elements origins of epigenetics gene regulation. *Current Opinion in Plant Biology* 14:159-161.

Lorite P, Maside X, Sanlloriente O (2012) The ant genomes have been invaded by several types of *mariner* transposable elements. *Naturwissenschaften* 99:1007-1020.

Luo GH, Li XH, Han ZJ, Guo HF, Yang Q, Wu M, Zhang ZC, Liu BS, Qian L, Fang JC (2014) Molecular characterization of the *piggyback*-like element, a candidate marker for phylogenetic research of *Chilo suppressalis* (Walker) in China. BMC Molecular Biology. 15:28

Han MJ, Shen YH, Xu MS, Liang HY, Zhang HH, Zhang Z (2013) Identification and evolution of the silkworm *Helitrons* and their contribution to transcripts. DNA Research. 20: 471-484.

Malik HS, Eickbush TH (1998) The RTE class of non-LTR retrotransposon is widely distributed in animals and is the origin of many SINEs. Molecular Biology and Evolution. 15(9): 1123-1134.

Merrill RM, Dasmahapatra KK, Davey JW, Dell’Aglia DD, Hanly JJ, Huber B, Jiggins CD, Joron M, Montgomery KM, Morris J, Nadeau NJ, Pinharanda AL, Rosser N, Thompson MJ, Vanjari S, Wallbank RWR, Yu Q (2015) The diversification of *Heliconius* butterflies: what have we learned in 150 years? Journal of Evolutionary Biology 1-22.

Mitreva M, Smant G, Helder J (2009) Role of horizontal gene transfer in the evolution of plant parasitism among nematodes. Methods Mol Biol 532:517-535.

Müller F (1879) Ituna and Thyridia; a remarkable case of mimicry in butterflies. Transactions of Linnean Society of London 1879: xx-xxix.

Novák P, Neumann P, Macas J (2010) Graph-based clustering and characterization of repetitive sequences in next-generation sequencing data. BMC Bioinformatics 11:378.

Novák P, Neumann P, Pech J, Steinhaisl J, Macas J (2013) RepeatExplorer: a Galaxy-based web server for genome-wide characterization of eukaryotic repetitive elements from next-generation sequence reads. Bioinformatics 29(6):792-793

Opitz SEW, Jensen SR (2010) Sequestration of glucosinolates and iridoid glucosides in sawfly species of the genus *Athalia* and their role in defense against ants. J Chem Ecol 36(2): 148-57. Doi:10.1007/s10886-010-9740-3.

Pan G, Xu J, Li T, Xia Q, Liu SL, Zhang G, Li S, Li C, Liu H, Yang L, Liu T, Zhang X, Wu Z, Fan W, Dang X, Xiang H, Tao M, Li H, Hu J, Li Z, Lin L, Luo J, Geng L, Wang LL, Long M, Wan Y, He N, Zhang Z, Lu C, Keeling PJ, Wang J, Xiang Z, Zhou Z (2013)

Comparative genomics of parasitic silkworm microsporidia reveal na association between genome expansion and host adaptation. *BMC Genomics* 14:186.

Papa R, Morrison CM, Walters JR, Counterman BA, Chen R, Halder G, Ferguson L, Chamberlain N, ffrench-Constant R, Kapan DD, Jiggins CD, Reed RD, McMillan WO (2008) Highly conserved gene order and numerous novel repetitive elements in genomic regions linked to wing pattern in *Heliconius* butterflies. *BMC Genomics* 9:345. Doi: 10.1186/1471-2164-9-345.

Peccoud J, Loiseau V, Cordaux R, Gilbert C (2017) Massive horizontal transfer of transposable elements in insects. *PNAS* 114(8):4721-4726.

Purandare SR, Tenhumberg B, Brisson JA (2014) Comparison of the wing polygenic response of pea aphids (*Acyrtosiphon pisum*) to crowding and predator cues. *Ecological Entomology* 39:263-266.

Rebollo R, Horard B, Hubert B, Vieira C (2010) Jumping genes and epigenetics: Towards new species. *Gene* 454:1-7. Doi: 10.1016/j.gene.2010.01.003.

Rezende-Teixeira P, Siviero F, Andrade A, Santelli RV, Machado-Santelli G (2008) *Mariner*-like elements in *Rhynchosciara Americana* (Sciaridae) genome: molecular and cytological aspects. *Genetica* 133: 137-145.

Rosenheim JA, Higbee BS, Ackerman JD, Meisner MH (2017) Predicting nut damage at harvest using different in-season density estimates of *Amyelois transitella*: analysis of data from commercial almond production. *Journal of Economic Entomology* 110(6): 2692-2698.

Rusanen J, Frolov R, Weckström M, Kinoshita M, Arikawa K (2018) Non-linear amplification of graded voltage signals in the first-order visual interneurons of the butterfly *Papilio Xuthus*. *J Exp Biol.* doi: 10.1242/jeb.179085.

Sarkar A, Sim C, Hong YS, Hogan JR, Fraser MJ, Robertson HM, Collins FH (2003) Molecular evolutionary analysis of the widespread piggyBac transposons Family and related “domesticated” squences. *Mol. Gen Genomics.* 270: 173-180.

Sbordoni V, Forestiero S (1984) *Butterflies of the World*. Crescent Books, New York.

Schaack S, Gilbert C, Feschotte C (2010) Promiscuous DNA: horizontal transfer of transposable elements and why it matters for eukariotic evolution. *Trends in Ecology and Evolution* 25:537-546.

Shadegan MR, Banaee M (2018) Effects of dimethoate alone and in combination with Bacilar fertilizer on oxidative stress in common carp, *Cyprinus carpio*. *Chemosphere* doi:10.1016/j.chemosphere.2018.05.177.

Sheppard PM, Turner JRG, Brown KS, Benson WW, Singer MC (1985) Genetics and the evolution of Mullerian mimicry in *Heliconius* butterflies. *Phil. Trans. R. Lond. B.* 308: 433-610.

Silva AF, Dezordi F, Wallau G (2016) Manual para caracterização genômica e análise evolutiva de elementos transponíveis utilizando diretamente reads de sequenciadores de alto desempenho. Ribeirão Preto: SBG

Silva JC, Loreto EL, Clark JB (2004) Factors that affect the horizontal transfer of transposable elements. *Curr. Issues Mol. Biol.* 6:57-72.

Silva JC, Shabalina SA, Harris DG, Spouge JL, Kondrashovi AS (2003) Conserved fragments of transposable elements in intergenic regions: evidence for widespread recruitment of MIR- and L2- derived sequences within the mouse and human genomes. *Genet Res* 82:1–18.

Solai G, Biolchini M, Crnjar R (2018) Taste receptor plasticity in relation to feeding history in two congeneric species of Papilionidae (Lepidoptera). *Journal of Insect Physiology* doi: <https://doi.org/10.1016/j.jinsphys.2018.02.007>.

Spencer KC (1988) *Chemical Mediation of Coevolution*. Academic Press, INC, Londres.

Spencer KC (1988) *Chemical Mediation of Coevolution*. American Institute of Biological Sciences. Academic Press Inc.

Sun BF, Xiao JH, He SM, Liu L, Murphy RW, Huang DW (2013) Multiple ancient horizontal transfers and duplications in lepidopteran species. *Insect Molecular Biology* 22(1):72-87.

Sun W, Shen YH, Han MJ, Cao YF, Zhang Z (2014) An adaptative transposable element insertion in the regulatory region of the EO gene in the domesticated silkworm, *Bombyx mori*. *Mol. Biol. Evol.* 31(12): 3302-3313. Doi: 10.1093/molbev/msu261.

Tang X, Datema E, Guzman MO, Boer JM, Eck HJ, Bachem CWB, Visser RGF, Jong H (2014) Chromosomal organizations of major repeat families on potato (*Solanum tuberosum*) and further exploring in its sequenced genome. *Molecular genetics and genomics* 289(6): 1307-1319.

Touret F, Guigen F, Greenland T, Terzian C (2014) In between: *Gypsy* in *Drosophila melanogaster* reveals new insights into endogenous retrovirus evolution. *Viruses* 6: 4914-4925. Doi : 10.3390/v6124914.

Tu KY, Tsai SF, Guo TW, Lin HH, Yang ZW, Liao CT, Chuang WP (2018) The role of plant abiotic factors on the interactions between *Cnaphalocrocis medinalis* (Lepidoptera: Crambidae) and its host plant. *Environmental Entomology*. DOI: [10.1093/ee/nvy066](https://doi.org/10.1093/ee/nvy066).

Waku Y (1991) Developmental changes of antenna and its neurons in the silkworm, *Bombyx mori*, with special regards to larval-pupal transformation. *Journal of morphology* 207:253-271.

Wallau GL, Ortiz MF, Loreto ELS (2012) Horizontal transposons transfer in Eukarya: detection, bias, and perspectives. *Genome Biol. Evol.* 4(8): 801-811. Doi: 10.1093/gbe/evs055.

Wicker T, Sabot F, Hua-Van A, Bennetzen JL, Capy P, Chalhoub B, Flavell A, Leroy P, Morgante M, Panaud O, Paux E, SanMiguel P, Schulman AH (2007) A unified classification system for eukaryotic transposable elements. *Nature* 8:973.

Woronik A, Stefanescu C, Käkälä R, Wheat CW, Lehmann P (2018) Physiological differences between female limited, alternative life history strategies: the Alba phenotype in the butterfly *Colias croceus*. *Journal of Insect Physiology* (2018), doi: <https://doi.org/10.1016/j.jinsphys.2018.03.0>.

Xiong Y, Eickbush TH (1993) *Dong*, a non-long terminal repeat (non-LTR) retrotransposable element from *Bombyx mori*. *Nucleic Acids Research*. 21(5): 1318.

Xu H-E, Zhang H-H, Xia T, Han MJ, Shen Y-H, Zhang Z (2013) BmTEdb: a collective database of transposable elements in the silkworm genome. Database. Doi:10.1093/database/bat055.

Yocum GD, Childers AK, Rinehart JP, Rajamohan A, Pitts-Singer T, Greenlee KJ, Bowsher JH (2018) Environmental history impacts gene expression during diapause development in the alfalfa leafcutting bee, *Megachile rotundata*. Journal of Experimental Biology doi: 10.1242/jeb.173443.

Zimmermann K, Fric Z, Filipová L, Konvicka M (2005) Adult demography, dispersal and behaviour of *Brenthis ino* (Lepidoptera: Nymphalidae): how to be a successful wetland butterfly. European Journal of Entomology 102(4): 699-706.

Zhang HH, Shen Y-H, Xu H-E, Liang H-Y, Han M-J, Zhang Z (2013) A novel *hAT* element in *Bombyx mori* and *Rhodnius prolixus*: its relationship with miniature inverted repeat transposable elements (MITEs) and horizontal transfer. Insect Molecular Biology 22(5): 584-596.

Zhang XX, Zhang K (2015) Complete mitochondrial genome and phylogenetic analysis of the Asian swallowtail, *Papilio xuthus*. Mitochondrial DNA <http://dx.doi.org/10.3109/19401736.2015.1115862>.

Tabelas Suplementares

Tabela S1- Sequências de *Helconius* com seus nomes convertidos

Nome original da sequência	Número de acesso GenBank	Nome Convertido
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_AEHM-29B7_complete_sequence	CU463862.6	<i>H. melpomene</i> (1)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_AEHM-7G5_complete_sequence	CU462858.4	<i>H. melpomene</i> (2)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_WTSI_1048-73L17_complete_sequence	FP884223.1	<i>H. melpomene</i> (3)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_WTSI_1050-48D5_complete_sequence	FP700054.1	<i>H. melpomene</i> (4)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_AEHM-31J7_complete_sequence	FP102341.4	<i>H. melpomene</i> (5)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_AEHM-27N4_complete_sequence	CU468009.4	<i>H. melpomene</i> (6)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_AEHM-28F19_complete_sequence	CU672275.5	<i>H. melpomene</i> (7)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_WTSI_1049-85D19_complete_sequence	FP884226.1	<i>H. melpomene</i> (8)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_AEHM-28L23_complete_sequence	CU467808.6	<i>H. melpomene</i> (9)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_AEHM-31B4_complete_sequence	FP102340.5	<i>H. melpomene</i> (10)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_WTSI_1049-27G11_complete_sequence	FP700055.1	<i>H. melpomene</i> (11)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_WTSI_1048-141B23_complete_sequence	FP700057.1	<i>H. melpomene</i> (12)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_WTSI_1050-57E2_complete_sequence	FP700117.1	<i>H. melpomene</i> (13)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_WTSI_1048-73C3_complete_sequence	FP884222.1	<i>H. melpomene</i> (14)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_WTSI_1049-108B15_complete_sequence	FP700119.1	<i>H. melpomene</i> (15)

Nome original da sequência	Número de acesso GenBank	Nome Convertido
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_WTSI_1049-88J18_complete_sequence	FP565936.1	<i>H. melpomene</i> (16)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_WTSI_1048-17J21_complete_sequence	FP885849.1	<i>H. melpomene</i> (17)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_WTSI_1051-143B3_complete_sequence	FP578990.1	<i>H. melpomene</i> (18)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_AEHM-21B20_complete_sequence	FP236845.2	<i>H. melpomene</i> (19)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_AEHM-22A15_complete_sequence	FP245488.3	<i>H. melpomene</i> (20)
Heliconius_melpomene_clone_WTSI_1051-93D23_complete_sequence	KU514433.1	<i>H. melpomene</i> (21)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_AEHM-41C10_complete_sequence	CR974474.4	<i>H. melpomene</i> (22)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_WTSI_1048-62H20_complete_sequence	FP565804.1	<i>H. melpomene</i> (23)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_AEHM-27I5_complete_sequence	CU467807.6	<i>H. melpomene</i> (24)
Heliconius_melpomene_clone_WTSI_1048-80B22_complete_sequence	KU514437.1	<i>H. melpomene</i> (25)
Heliconius_melpomene_clone_WTSI_1049-13K4_complete_sequence	KU514434.1	<i>H. melpomene</i> (26)
Heliconius_melpomene_clone_WTSI_1049-8P23_complete_sequence	KU514435.1	<i>H. melpomene</i> (27)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_AEHM-6B18_complete_sequence	CU856075.2	<i>H. melpomene</i> (28)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_AEHM-7G12_complete_sequence	CT955980.4	<i>H. melpomene</i> (29)
Heliconius_melpomene_clone_fosmid_1048-3N15_***_SEQUENCING_IN_PROGRESS_***_2_ordered_pieces	KU200223.1	<i>H. melpomene</i> (30)

Nome original da sequência	Número de acesso GenBank	Nome Convertido
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_WTSI_1051-207A1_complete_sequence	FP884225.1	<i>H. melpomene</i> (31)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_WTSI_1051-66K21_complete_sequence	FP700056.1	<i>H. melpomene</i> (32)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_AEHM-35M22_complete_sequence	CU856074.2	<i>H. melpomene</i> (33)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_WTSI_1051-174F7_complete_sequence	FP700121.1	<i>H. melpomene</i> (34)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_AEHM-13H8_complete_sequence	CU525306.3	<i>H. melpomene</i> (35)
Heliconius_melpomene_clone_fosmid_1048-143N20_complete_sequence	KU200222.1	<i>H. melpomene</i> (36)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_AEHM-7E22_complete_sequence	CU856076.2	<i>H. melpomene</i> (37)
Heliconius_melpomene_DNA_sequence_from_clone_AEHM-22C5_complete_sequence	CU462842.3	<i>H. melpomene</i> (38)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_AEHM-19L14_complete_sequence	CU672261.2	<i>H. melpomene</i> (39)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_AEHM-21P16_complete_sequence	CU681835.4	<i>H. melpomene</i> (40)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_AEHM-11J7_complete_sequence	CU367882.5	<i>H. melpomene</i> (41)
Heliconius_melpomene_clone_WTSI_1051-83D21_complete_sequence	KU514430.6	<i>H. melpomene</i> (42)
Heliconius_melpomene_clone_WTSI_1051-97 ^a 3_complete_sequence	KU514431.1	<i>H. melpomene</i> (43)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_WTSI_1048-54B23_complete_sequence	FP700116.1	<i>H. melpomene</i> (44)
Heliconius_melpomene_clone_WTSI_1051-65N6_complete_sequence	KU514432.1	<i>H. melpomene</i> (45)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_WTSI_1050-69H18_complete_sequence	FP700118.1	<i>H. melpomene</i> (46)

Nome original da sequência	Número de acesso GenBank	Nome Convertido
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_AEHM-46M10_complete_sequence	CT573313.6	<i>H. melpomene</i> (47)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_WTSI_1050-154K8_complete_sequence	FP884224.1	<i>H. melpomene</i> (48)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_AEHM-18H13_complete_sequence	CU928265.1	<i>H. melpomene</i> (50)
Heliconius_melpomene_clone_WTSI_1048-19P15_complete_sequence	KU514436.1	<i>H. melpomene</i> (51)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_AEHM-24°2_complete_sequence	FP102339.6	<i>H. melpomene</i> (52)
Heliconius melpomene clone WTSI_1051-83D21 complete sequence	KU514430.1	<i>H. melpomene</i> (53)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_WTSI_1051-107M4_complete_sequence	FP578989.1	<i>H. melpomene</i> (54)
Heliconius_melpomene_clone_WTSI_1048-96 ^a 7_complete_sequence	KU514438.1	<i>H. melpomene</i> (55)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_WTSI_1048-35A10_complete_sequence	FP884221.1	<i>H. melpomene</i> (56)
H.melpomene_DNA_sequence_from_clone_WTSI_1048-42M24_complete_sequence	FP700053.1	<i>H. melpomene</i> (57)
H.melpomene DNA sequence from clone WTSI 1051-119F21 complete sequence	FP884227.1	<i>H. melpomene</i> (58)
H.melpomene DNA sequence from clone WTSI 1051-171F16 complete sequence	FP700120.1	<i>H. melpomene</i> (59)
H.numata_DNA_sequence_from_clone_AEHN-6M17_complete_sequence	FP476061.4	<i>H. numata</i> (1)
H.numata_DNA_sequence_from_clone_AEHN-38G4_complete_sequence	CU655869.6	<i>H. numata</i> (2)
H.numata_DNA_sequence_from_clone_AEHN-46M23_complete_sequence	CU856175.4	<i>H. numata</i> (3)

Nome original da sequência	Número de acesso GenBank	Nome Convertido
H.numata_DNA_sequence_from_clone_AEHN-35N20_complete_sequence	FP885880.1	<i>H. numata</i> (4)
H.numata_DNA_sequence_from_clone_AEHN-49B1_complete_sequence	FP236755.1	<i>H. numata</i> (5)
H.numata_DNA_sequence_from_clone_AEHN-31F4_complete_sequence	CU655868.2	<i>H. numata</i> (6)
H.numata_DNA_sequence_from_clone_AEHN-43D2_complete_sequence	CU633161.3	<i>H. numata</i> (7)
H.numata_DNA_sequence_from_clone_AEHN-7C9_complete_sequence	FP565803.1	<i>H. numata</i> (8)
H.numata_DNA_sequence_from_clone_AEHN-45B17_complete_sequence	CU638865.6	<i>H. numata</i> (9)
H.numata_DNA_sequence_from_clone_AEHN-24I10_complete_sequence	CU856182.1	<i>H. numata</i> (10)
H.numata_DNA_sequence_from_clone_AEHN-41G24_complete_sequence	CU914734.5	<i>H. numata</i> (11)
H.numata_DNA_sequence_from_clone_AEHN-49 ^a 1_complete_sequence	FP884220.1	<i>H. numata</i> (12)
H.numata_DNA_sequence_from_clone_AEHN-14K13_complete_sequence	CU856181.5	<i>H. numata</i> (13)
H.numata DNA sequence from clone AEHN-36N20 complete sequence	FP885855.2	<i>H. numata</i> (14)
H.numata DNA sequence from clone AEHN-38C19 complete sequence	CU914733.2	<i>H. numata</i> (15)
Heliconius_erato_clone_BAC_Cinn_Final_29March2009_complete_sequence	KC469892.1	<i>H. erato</i> (1)
Heliconius_erato_clone_BAC_EcoRI-1708_complete_sequence	KC469895.1	<i>H. erato</i> (2)
Heliconius_erato_favorinus_isolate_JM1515_cytadhesion_gene_partial_cds	GU582458.1	<i>H. erato favorinus</i> (1)
Heliconius_erato_favorinus_isolate_JM0853_cytadhesion_gene_partial_cds	GU582417.1	<i>H. erato favorinus</i> (2)

Nome original da sequência	Número de acesso GenBank	Nome Convertido
Heliconius_erato_favorinus_isolate_JM1004_cytadhesion_gene_partial_cds	GU582420.1	<i>H. erato favorinus</i> (5)
Heliconius erato favorinus isolate JM1712 cytheadhesion gene	GU582489.1	<i>H. erato favorinus</i> (6)
Heliconius_erato_emma_isolate_JM1033_cytadhesion_gene_partial_cds	GU582430.1	<i>H. erato emma</i> (1)

Tabela S2- Sequências de outros organismos com seus nomes convertidos

Nome original da Sequência	Nº de acesso Genbank	Nome convertido	Ordem
Bombyx mori uncharacterized LOC110385116, ncRNA	XR002430451.1	<i>Bombyx mori</i> (1)	Lepidoptera
Acyrtosiphon pisum ATP-dependent DNA helicase pif1-like (LOC100571609)_mRNA	XM_003240776.1	<i>Acyrtosiphon pisum</i> (1)	Hemiptera
Athalia rosae ATP-dependent DNA helicase PIF1-like (LOC105691016)_mRNA	XM_012409247.1	<i>Athalia rosae</i> (2)	Hymenoptera
Vollenhovia emeryi putative uncharacterized protein FLJ37770 (LOC105556663)_mRNA	XM_012003757.1	<i>Vollenhovia emeryi</i> (3)	Hymenoptera
Tapinoma nigerrimum Azteca mariner-like transposon complete sequence clone Tnigmar-Az-276	LN554871.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (1)	Hymenoptera
Tapinoma nigerrimum Azteca mariner-like transposon complete sequence clone Tnigmar-Az-277	LN554872.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (2)	Hymenoptera
Tapinoma nigerrimum Azteca mariner-like transposon complete sequence clone Tnigmar-Az-302	LN554876.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (3)	Hymenoptera
Tapinoma nigerrimum Azteca mariner-like transposon complete sequence clone Tnigmar-Az-310	LN554877.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (4)	Hymenoptera
Tapinoma nigerrimum Azteca mariner-like transposon complete sequence clone Tnigmar-Az-278	LN554873.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (5)	Hymenoptera
Tapinoma nigerrimum Azteca mariner-like transposon complete sequence clone Tnigmar-Az-296	LN554875.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (6)	Hymenoptera
Tapinoma nigerrimum Azteca mariner-like transposon complete sequence clone Tnigmar-Az-287	LN554874.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (7)	Hymenoptera
Tapinoma nigerrimum Azteca mariner-like transposon complete sequence clone Tnigmar-Az-311	LN554878.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (8)	Hymenoptera
Tapinoma nigerrimum Azteca mariner-like transposon complete sequence clone Tnigmar-Az-275	LN554870.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (9)	Hymenoptera
Tapinoma nigerrimum Azteca mariner-like transposon complete sequence clone Tnigmar-Az-274	LN554869.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (10)	Hymenoptera
Tapinoma nigerrimum Azteca mariner-like transposon internally-deleted clone Tnigmar-Az-137	LN554866.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (11)	Hymenoptera
Tapinoma nigerrimum Azteca mariner-like transposon internally-deleted clone Tnigmar-Az-133	LN554864.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (12)	Hymenoptera

Tapinoma nigerrimum Azteca mariner-like transposon internally-deleted clone Tnigmar-Az-132	LN554863.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (13)	Hymenoptera
Tapinoma nigerrimum Azteca mariner-like transposon internally-deleted clone Tnigmar-Az-130	LN554862.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (14)	Hymenoptera
Tapinoma nigerrimum Azteca mariner-like transposon internally-deleted clone Tnigmar-Az-100	LN554855.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (15)	Hymenoptera
Tapinoma nigerrimum Azteca mariner-like transposon internally-deleted clone Tnigmar-Az-122	LN554860.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (16)	Hymenoptera
Tapinoma nigerrimum Azteca mariner-like transposon internally-deleted clone Tnigmar-Az-110	LN554857.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (17)	Hymenoptera
Tapinoma nigerrimum Azteca mariner-like transposon internally-deleted clone Tnigmar-Az-138	LN554867.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (18)	Hymenoptera
Tapinoma nigerrimum Azteca mariner-like transposon internally-deleted clone Tnigmar-Az-109	LN554856.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (19)	Hymenoptera
Tapinoma nigerrimum Azteca mariner-like transposon internally-deleted clone Tnigmar-Az-139	LN554868.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (20)	Hymenoptera
Tapinoma nigerrimum Azteca mariner-like transposon internally-deleted clone Tnigmar-Az-121	LN554859.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (21)	Hymenoptera
Tapinoma nigerrimum Azteca mariner-like transposon internally-deleted clone Tnigmar-Az-136	LN554865.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (22)	Hymenoptera
Tapinoma nigerrimum Azteca mariner-like transposon internally-deleted clone Tnigmar-Az-117	LN554858.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (23)	Hymenoptera
Tapinoma_nigerrimum_Azteca_mariner-like_transposon_internally-deleted_clone_Tnigmar-Az-126	LN554861.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (24)	Hymenoptera
Tapinoma nigerrimum mariner transposon Tnigmar-Mr-2 containing mariner-like sequence Tnigmar-Az-2	HE577160.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (25)	Hymenoptera
Tapinoma nigerrimum mariner transposon Tnigmar-Mr-6 containing mariner-like sequence Tnigmar-Az-6	HE577163.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (26)	Hymenoptera
Tapinoma nigerrimum mariner transposon Tnigmar-Mr-5 containing mariner-like sequence Tnigmar-Az-5	HE577162.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (27)	Hymenoptera
Tapinoma nigerrimum mariner transposon Tnigmar-Mr-7 containing mariner-like sequence Tnigmar-Az-7	HE577164.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (28)	Hymenoptera
Tapinoma nigerrimum mariner transposon Tnigmar-Mr-4 containing mariner-like sequence Tnigmar-Az-4	HE577161.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (29)	Hymenoptera
Tapinoma nigerrimum mariner transposon Tnigmar-Mr-1 containing mariner-like sequence Tnigmar-Az-1	HE577159.1	<i>Tapinoma nigerrimum</i> (30)	Hymenoptera

Bombyx_mori_piggyBac_transposable_element-derived_protein_3_(LOC105842020)_mRNA	XM_012692514.2	<i>Bombyx mori</i> (18)	Lepidoptera
Bombyx_mori_piggyBac_transposable_element-derived_protein_3_(LOC105842712)_mRNA	XM_012696945.2	<i>Bombyx mori</i> (19)	Lepidoptera
Spodoptera_litura_piggyBac_transposable_element-derived_protein_3-like_(LOC111358384)_mRNA	XM_022973504.1	<i>Spodoptera litura</i> (14)	Lepidoptera
Helicoverpa_armigera_piggyBac_transposable_element-derived_protein_3-like_(LOC110377601)_mRNA	XM_021336537.1	<i>Helicoverpa armigera</i> (16)	Lepidoptera
Papilio_xuthus_piggyBac_transposable_element-derived_protein_3-like_(LOC106115896)_mRNA	XM_013309539.1	<i>Papilio xuthus</i> (6)	Lepidoptera
Spodoptera_litura_piggyBac_transposable_element-derived_protein_3-like_(LOC111362483)_mRNA	XM_022979156.1	<i>Spodoptera litura</i> (15)	Lepidoptera
Chilo_suppressalis_transposon_piggyBac-like_element_transposase_(PLE1.1)_gene_complete_cds	JX294476.1	<i>Chilo suppressalis</i> (1)	Lepidoptera
Amyeloid transitella uncharacterized LOC106138384 (LOC106138384) mRNA	XM_013339517.1	<i>Amyeloid transitella</i> (2)	Lepidoptera
Rhynchosciara americana transposon Ramar2 mariner, complete sequence	DQ78457.1	<i>Rhynchosciara americana</i> (1)	Diptera

Tabela S3- Dados dos genomas de *Heliconius* utilizados para descrição de elementos transponíveis

Espécie	Run	Biosample	Bioproject	Localização geográfica	SRA	Características
<i>Heliconius numata bicoloratus</i>	ERR1143612	SAMEA3670563	PRJEB8011	Puente Rio Serranoyacu Rioja, Peru	ERS97712	Illumina, pareado, L=100.00%
<i>Heliconius timareta</i>	ERR053929	SAMEA1322945	PRJEB8011	San Martin, Peru	ERS5070288	Illumina, L=95.100%
<i>Heliconius pardalinus sergestus</i>	ERR260304	SAMEA1919268	PRJEB8011	Latitude:6.47785S Longitude: 76.3517W	ERS235668	Illumina, L=101,100%
<i>Heliconius cydno cordula</i>	ERR053817	SAMEA1094470	PRJEB8011, PRJEB2726	São Cristovão, Venezuela (7.47566N, 72.11566W)	ERS070229	Illumina, L=95.100%
<i>Heliconius ismenius</i>	ERR1143586	SAMEA3670537	PRJEB8011	Gamboa, Panama (9°7'9N; 79 ° 41'51W)	ERS977686	Illumina, L=100.100%
<i>Heliconius hecale felix</i>	ERR260306	SAMEA1919272	PRJEB8011 PRJEB1749	Latitude: 5.9717S Longitude: 76.2319W	ERS235670	Illumina, L=101.100%
<i>Heliconius hecuba flava</i>	ERR1143583	SAMEA3670534	PRJEB8011	Próximo a La Bonita, Ecuador (00 ° 28'30N; 77 ° 33'18W)	ERS977683	Illumina, L=101.100%

<i>Heliconius elevatus bari</i>	ERR1143571	SAMEA3670522	PRJEB8011	Patawa Laie, Guiana Francesa 4 ° 32'42N; 52 ° 8'20W	ERP009041	Ilumina, L=100.100%
<i>Heliconius ethilla aerotome</i>	ERR260305	SAMEA1919250	PRJEB8011 PRJEB1749	Latitude: 6.4667S Longitude: 76.3347W	ERS235669	Ilumina, L=101.100%
<i>Heliconius pachinus</i>	ERR1143614	SAMEA3670565	PRJEB8011	Chiriqui, Panamá. 8 ° 50'19N, 82 ° 42'53W	ERS977714	Ilumina, L=101.100%
<i>Heliconius xanthocles</i>	ERR1143626	SAMEA3670577	PRJEB8011	Zamora- Chinchipe, Ecuador 4 ° 1'18S; 79 ° 0'49W	ERS977726	Ilumina L=101.100%
<i>Heliconius wallacei</i>	ERR1143625	SAMEA3670576	PRJEB8011	Pucallpa, Peru	ERS977725	Ilumina, L=101.100%
<i>Heliconius heurippa</i>	ERR055404	SAMEA1322902	PRJEB8011 PRJEB2743	Buena Vista, Meta, Colombia. 4.1030N, 73.4041W	ERS074400	Ilumina L=101.100%
<i>Heliconius hierax</i>	ERR1143585	SAMEA3670536	PRJEB8011	Napo, Ecuador, 0 ° 10'55S; 77 ° 41'4W.	ERS977685	Ilumina, L=101.100%

Tabelas suplementares (4-12) de resultados de Blastn dos Elementos de Classe I em relação ao gênero *Heliconius*.

Tabela S4- Resultados de Blastn *Heliconius* X elementos RTE

Nome convertido	Max Score	Query cover %	e-value	Ident %	Accession	Início	Final
<i>RTE-10_Hmel</i>							
<i>H. erato</i> (1)	801	68	0	90	KC469892.1	61333	61923
<i>RTE-18_Hmel</i>							
<i>H. numata</i> (5)	1478	99	0	95	FP236755.1	50461	49554
<i>RTE-11_HMM</i>							
<i>H. melpomene</i> (25)	5378	99	0	97	KU514437.1	11232	8041
<i>H. melpomene</i> (27)	5294	99	0	97	KU514435.1	30903	27758
<i>H. melpomene</i> (26)	5294	99	0	97	KU514434.1	37182	34037
<i>H. numata</i> (6)	1332	23	0	99	CU655868.2	7921	7176

Tabela S5- Resultados de Blastn *Heliconius* X elementos Gypsy

Nome convertido	Max Score	Query cover %	e-value	Ident %	Accession	Início	Final
<i>Gypsy-10_HMM-I</i>							
<i>H. melpomene</i> (22)	6974	100	0	98	CR974474.4	60533	56487
<i>H. numata</i> (2)	6873	100	0	98	CU655869.6	72737	76786
<i>Gypsy-10_HMM-LTR</i>							
<i>H. melpomene</i> (22)	740	100	0	99	CR974474.4	56486	56062
<i>H. numata</i> (2)	645	100	0	92	CU655869.6	72296	72735
<i>Gypsy-12_Hm</i>							
<i>H. numata</i> (3)	2654	61	0	96	CU856175.4	95244	93645
<i>H. numata</i> (2)	2654	52	0	96	CU655869.6	103699	102100
<i>Gypsy-14_Hmel-I</i>							
<i>H. erato favorinus</i> (5)	1095	13	0	94	GU582420.1	1	705
<i>H. erato favorinus</i> (2)	1094	13	0	94	GU582417.1	1	705
<i>H. erato emma</i> (1)	1090	13	0	94	GU582430.1	1	705
<i>H. erato favorinus</i> (1)	1061	13	0	94	GU582458.1	1	681
<i>H. erato favorinus</i> (6)	654	8	0	93	GU582489.1	1	432

Tabela S6 - Resultados de Blastn *Heliconius* X elementos LTR

Nome convertido	Max Score	Query cover %	e-value	Ident %	Accession	Início	Final
<i>LTR-5_Hm</i>							
<i>H. numata</i> (10)	1736	46	0	96	CU856182.1	82052	83094
<i>H. numata</i> (9)	1736	46	0	96	CU638865.6	57110	58152
<i>LTR-13_Hmel</i>							
<i>H. numata</i> (3)	657	100	0	84	CU856175.4	67251	67802
<i>H. numata</i> (2)	652	100	0	84	CU655869.6	77986	78537

Tabela S7 - Resultados de Blastn *Heliconius* X elementos R1

Nome convertido	Max Score	Query cover %	e-value	Ident %	Accession	Início	Final
<i>SART-1_HMM</i>							
<i>H. erato</i> (2)	2062	24	0	91	KC469895.1	23943	22462
<i>SART-1B_HMM</i>							
<i>H. erato</i> (2)	2075	24	0	91	KC469895.1	23943	22461

Tabela S8 - Resultados de Blastn *Heliconius* X elementos R4

Nome convertido	Max Score	Query cover %	e-value	Ident %	Accession	Início	Final
<i>R4-1_HMe</i>							
<i>H. melpomene</i> (7)	2641	41	0	96	CU672275.5	10755	9140
<i>H. melpomene</i> (40)	2641	41	0	96	CU681835.4	110834	109219
<i>H. melpomene</i> (50)	2165	31	0	99	CU928265.1	9972	11205
<i>H. melpomene</i> (38)	1362	21	0	96	CU462842.3	9042	9883
<i>H. melpomene</i> (2)	1214	21	0	92	CU462858.4	4860	5635
<i>H. numata</i> (10)	1043	21	0	87	CU856182.1	67923	68677
<i>H. numata</i> (9)	1043	21	0	87	CU638865.6	42981	43735
<i>H. numata</i> (5)	892	20	0	90	FP236755.1	87822	88451
<i>H. melpomene</i> (10)	818	16	0	89	FP102340.5	126190	125587
<i>H. melpomene</i> (13)	753	12	0	93	FP700117.1	2256	2720
<i>H. melpomene</i> (54)	744	13	0	93	FP578989.1	25707	26171
<i>H. melpomene</i> (29)	740	13	0	93	CT955980.4	70441	69977
<i>Dong-1_HMM</i>							
<i>H. numata</i> (11)	993	16	0	90	CU914734.5	56616	57323

Tabela S9- Resultados de Blastn *Heliconius* X elemento *Proto2*

Nome convertido	Max Score	Query cover %	e-value	Ident %	Accession	Início	Final
<i>Proto2-3_Hmel</i>							
<i>H. numata</i> (10)	1151	41	0	93	CU856182.1	66407	65641
<i>H. numata</i> (9)	1151	41	0	93	CU638865.6	41465	40699

Tabela S10- Resultados de Blastn *Heliconius* X elemento *CRI*

Nome convertido	Max Score	Query cover %	e-value	Ident %	Accession	Início	Final
<i>CRI-1_HMM</i>							
<i>H. erato</i> (1)	1636	64	0	85	KC469892.1	71366	70022

Tabela S11- Resultados de Blastn *Heliconius* X elementos *Daphne*

Nome convertido	Max Score	Query cover %	e-value	Ident %	Accession	Início	Final
<i>Daphne-1_Hmel</i>							
<i>H. melpomene</i> (5)	6103	77	0	98	FP102341.4	15955	19489
<i>H. melpomene</i> (10)	6103	77	0	98	FP102340.5	155548	159082
<i>H. melpomene</i> (37)	3521	45	0	99	CU856076.2	125313	127298
<i>H. numata</i> (1)	2242	29	0	98	FP476061.4	68127	69444
<i>Daphne-2_Hmel</i>							
<i>H. melpomene</i> (9)	6282	100	0	97	CU467808.6	18009	14311
<i>H. melpomene</i> (56)	4837	77	0	97	FP884221.1	28834	31711
<i>H. numata</i> (7)	4639	77	0	96	CU633161.3	77612	80463
<i>H. melpomene</i> (7)	2733	46	0	97	CU672275.5	66816	68442
<i>H. numata</i> (2)	2516	43	0	95	CU655869.6	140179	138603
<i>H. numata</i> (14)	1903	33	0	93	FP885855.2	32485	31238
<i>H. numata</i> (8)	1678	30	0	93	FP565803.1	93501	92392
<i>H. numata</i> (13)	1440	34	0	93	CU856181.5	89081	90000
<i>H. numata</i> (4)	1269	23	0	93	FP885880.1	7345	8171
<i>H. melpomene</i> (40)	1245	23	0	95	CU681835.4	1617	2402
<i>H. melpomene</i> (39)	1245	22	0	95	CU672261.2	113725	114510
<i>H. melpomene</i> (50)	1213	27	0	88	CU928265.1	403	1269
<i>H. numata</i> (3)	1020	18	0	94	CU856175.4	29300	28643
<i>H. melpomene</i> (47)	940	15	0	96	CT573313.6	67154	66582

Tabela S12- Resultados de Blastn *Heliconius* X elementos I

Nome convertido	Max Score	Query cover %	e-value	Ident %	Accession	Início	Final
<i>I-1_Hmel</i>							
<i>H. numata</i> (3)	9355	99	0	97	CU856175.4	38968	33464
<i>I-2B_Hmel</i>							
<i>H. numata</i> (3)	1961	100	0	83	CU856175.4	36850	34960

Tabelas suplementares (13-18) de resultados de Blastn dos Elementos de Classe II em relação ao gênero *Heliconius*.

Tabela S13- Resultados de Blastn *Heliconius* X elementos *hAT*

Nome convertido	Max Score	Query cover %	e-value	Ident %	Accession	Início	Final
<i>nhAT-2a_Hmel</i>							
<i>H. melpomene</i> (22)	2892	100	0	99	CR974474.4	80629	82266
<i>H. melpomene</i> (39)	2847	100	0	99	CU672261.2	48223	49859
<i>H. melpomene</i> (50)	2536	100	0	94	CU928265.1	122397	124025
<i>H. melpomene</i> (6)	2298	100	0	90	CU468009.4	98007	99645
<i>H. melpomene</i> (46)	1633	100	0	92	FP700118.1	6481	5415
<i>H. melpomene</i> (16)	1593	83	0	91	FP565936.1	41836	40771
<i>H. numata</i> (3)	1204	99	0	94	CU856175.4	87907	88680
<i>H. numata</i> (2)	1204	99	0	94	CU655869.6	97326	98099
<i>nhAT-2b_Hmel</i>							
<i>H. melpomene</i> (50)	2776	100	0	98	CU928265.1	122397	124025
<i>H. melpomene</i> (22)	2628	100	0	96	CR974474.4	80629	82266
<i>H. melpomene</i> (39)	2596	100	0	95	CU672261.2	48223	49859
<i>H. melpomene</i> (6)	2408	100	0	91	CU468009.4	98007	99645
<i>H. melpomene</i> (46)	1582	100	0	91	FP700118.1	6481	5415
<i>H. melpomene</i> (16)	1566	83	0	90	FP565936.1	41836	40771
<i>H. numata</i> (3)	1249	99	0	96	CU856175.4	87907	88680
<i>H. numata</i> (2)	1249	99	0	96	CU655869.6	97326	98099
<i>nhAT-2c_Hmel</i>							
<i>H. melpomene</i> (46)	2796	100	0	96	FP700118.1	7115	5415
<i>H. melpomene</i> (16)	2351	84	0	96	FP565936.1	42182	40771
<i>H. melpomene</i> (22)	1600	92	0	91	CR974474.4	81147	82266
<i>H. melpomene</i> (39)	1584	92	0	90	CU672261.2	48742	49859
<i>H. melpomene</i> (50)	1550	94	0	90	CU928265.1	122907	124025

<i>H. melpomene</i> (6)	1546	92	0	89	CU468009.4	98525	99645
<i>H. numata</i> (3)	1236	92	0	95	CU856175.4	87908	88680
<i>H. numata</i> (2)	1236	92	0	95	CU655869.6	97327	98099

Tabela S14- Resultados de Blastn *Heliconius* X elementos *piggyBac*

Nome convertido	Max Score	Query cover %	e-value	Ident %	Accession	Início	Final
<i>npiggyBac-1_Hmel</i>							
<i>H. melpomene</i> (37)	2031	100	0	98	CU856076.2	59364	60533
<i>H. numata</i> (3)	1990	100	0	98	CU856175.4	52630	53796
<i>H. melpomene</i> (6)	1975	100	0	97	CU468009.4	19002	20172
<i>H. melpomene</i> (20)	1948	100	0	97	FP245488.3	35018	33848
<i>H. melpomene</i> (19)	1948	100	0	97	FP236845.2	113632	112462
<i>H. melpomene</i> (35)	1914	100	0	96	CU525306.3	41900	43069
<i>H. melpomene</i> (22)	1779	100	0	96	CR974474.4	60957	62044
<i>npiggyBac-6_Hmel</i>							
<i>H. melpomene</i> (48)	2053	100	0	96	FP884224.1	8370	7092
<i>H. melpomene</i> (58)	2026	100	0	95	FP884227.1	20585	19372
<i>H. melpomene</i> (59)	2026	100	0	95	FP700120.1	12620	11347
<i>H. melpomene</i> (59)	2026	100	0	95	CT955980.4	98338	99619
<i>H. melpomene</i> (29)	1618	100	0	88	CU655869.6	105107	106372
<i>H. numata</i> (2)	1240	100	0	80	CU856175.4	96652	97961
<i>H. numata</i> (3)							
<i>npiggyBac-8_Hmel</i>							
<i>H. melpomene</i> (47)	2199	100	0	97	CT573313.6	69329	70664
<i>H. numata</i> (2)	1929	100	0	92	CU655869.6	84620	83297
<i>H. numata</i> (3)	1925	100	0	92	CU856175.4	75205	73882

Tabela S15- Resultados de Blastn *Heliconius* X elemento *REP*

Nome convertido	Max Score	Query cover %	e-value	Ident %	Accession	Início	Final
<i>REP-1_HMM</i>							
<i>H. melpomene</i> (38)	1764	100	0	99	CU462842.3	152307	151302
<i>H. melpomene</i> (55)	1763	100	0	99	KU514438.1	25855	24854
<i>H. numata</i> (3)	1743	100	0	99	CU856175.4	45630	46632
<i>H. numata</i> (2)	1725	100	0	98	CU655869.6	60205	61204
<i>H. numata</i> (1)	1627	100	0	95	FP476061.4	3436	4455
<i>H. melpomene</i> (56)	1566	100	0	95	FP884221.1	8621	7639
<i>H. melpomene</i> (44)	1526	100	0	93	FP700116.1	31286	30337
<i>H. melpomene</i> (27)	1516	100	0	94	KU514435.1	11795	12781
<i>H. melpomene</i> (26)	1516	100	0	94	KU514434.1	18074	19060
<i>H. numata</i> (13)	1460	100	0	91	CU856181.5	59679	58672
<i>H. melpomene</i> (3)	1436	100	0	92	FP884223.1	7471	8474
<i>H. numata</i> (4)	1359	100	0	89	FP885880.1	3504	2578
<i>H. melpomene</i> (9)	1323	100	0	89	CU467808.6	51585	50590
<i>H. melpomene</i> (32)	1238	98	0	91	FP700056.1	28899	29785
<i>H. melpomene</i> (54)	1238	100	0	91	FP578989.1	38936	38050
<i>H. melpomene</i> (7)	1196	92	0	94	CU672275.5	94587	95374
<i>H. melpomene</i> (21)	1119	100	0	87	KU514433.1	8561	9412
<i>H. melpomene</i> (45)	1119	100	0	87	KU514432.1	11310	12161
<i>H. melpomene</i> (18)	1119	100	0	87	FP578990.1	39584	40435
<i>H. melpomene</i> (43)	1112	100	0	87	KU514431.1	11567	12416
<i>H. melpomene</i> (53)	1112	100	0	87	KU514430.1	18566	19415
<i>H. melpomene</i> (23)	998	78	0	94	FP565804.1	11616	10965
<i>H. melpomene</i> (11)	949	78	0	92	FP700055.1	18146	18787
<i>H. numata</i> (5)	758	87	0	81	FP236755.1	57822	58611
<i>H. melpomene</i> (39)	742	93	0	80	CU672261.2	99290	98492
<i>H. melpomene</i> (24)	733	81	0	80	CU467807.6	42627	41834

Tabela S16- Resultados de Blastn *Heliconius* X elementos *Helitron*

Nome convertido	Max Score	Query cover %	e-value	Ident %	Accession	Início	Final
<i>Helitron-N2_HMM</i>							
<i>H. melpomene</i> (10)	1653	100	0	93	FP102340.5	49414	48316
<i>H. melpomene</i> (11)	872	98	0	94	FP700055.1	20495	21055
<i>H. melpomene</i> (14)	679	89	0	84	FP884222.1	19732	20264
<i>H. melpomene</i> (15)	697	85	0	85	FP700119.1	2705	2174
<i>H. melpomene</i> (16)	827	89	0	91	FP565936.1	3380	2814
<i>H. melpomene</i> (17)	827	85	0	91	FP885849.1	1070	1636
<i>H. melpomene</i> (18)	890	96	0	89	FP578990.1	6609	7284
<i>H. melpomene</i> (19)	866	99	0	93	FP236845.2	88845	89425
<i>H. melpomene</i> (2)	657	72	0	83	CU462858.4	102042	102659
<i>H. melpomene</i> (20)	866	92	0	93	FP245488.3	10231	10811
<i>H. melpomene</i> (21)	866	90	0	93	KU514433.1	33097	33677
<i>H. melpomene</i> (22)	821	95	0	91	CR974474.4	85914	85346
<i>H. melpomene</i> (23)	863	98	0	91	FP565804.1	10156	9562
<i>H. melpomene</i> (24)	872	100	0	93	CU467807.6	117745	118324
<i>H. melpomene</i> (25)	908	87	0	94	KU514437.1	33754	33171
<i>H. melpomene</i> (26)	875	90	0	93	KU514434.1	27322	27911
<i>H. melpomene</i> (27)	875	90	0	93	KU514435.1	21043	21632
<i>H. melpomene</i> (28)	814	89	0	92	CU856075.2	86544	85970
<i>H. melpomene</i> (29)	890	91	0	94	CT955980.4	22247	21664
<i>H. melpomene</i> (4)	632	66	0	83	FP700054.1	1943	2558
<i>H. melpomene</i> (6)	820	92	0	89	CU468009.4	3161	3771
<i>H. melpomene</i> (9)	753	92	0	88	CU467808.6	4914	5473
<i>H. numata</i> (1)	785	91	0	89	FP476061.4	18601	19167
<i>H. numata</i> (13)	726	100	0	92	CU856181.5	60307	59802
<i>H. numata</i> (2)	1645	100	0	93	CU655869.6	117418	118510
<i>H. numata</i> (3)	866	96	0	93	CU856175.4	91773	91189
<i>H. numata</i> (4)	913	87	0	94	FP885880.1	17411	16819
<i>H. numata</i> (5)	866	90	0	93	FP236755.1	81170	81758
<i>Helitron-N2BI_HMM</i>							
<i>H. melpomene</i> (22)	805	100	0	97	CR974474.4	7626	8112
<i>H. numata</i> (8)	803	100	0	97	FP565803.1	76356	75886
<i>H. melpomene</i> (40)	789	100	0	96	CU681835.4	44939	45421
<i>H. numata</i> (13)	773	100	0	96	CU856181.5	53699	54163
<i>H. melpomene</i> (3)	702	96	0	98	FP884223.1	8956	9369

<i>H. melpomene</i> (4)	677	100	0	93	FP700054.1	1666	2103
<i>H. melpomene</i> (2)	657	100	0	96	CU462858.4	101805	102202
<i>Helitron-like-4a_Hmel</i>							
<i>H. melpomene</i> (29)	1752	100	0	99	CT955980.4	22597	23580
<i>H. melpomene</i> (28)	1673	100	0	98	CU856075.2	85941	86916
<i>H. numata</i> (3)	1591	99	0	96	CU856175.4	91155	92119
<i>H. numata</i> (5)	1579	100	0	95	FP236755.1	81787	80827
<i>H. numata</i> (4)	1526	100	0	94	FP885880.1	16790	17759
<i>H. melpomene</i> (27)	1512	99	0	94	KU514435.1	21661	20693
<i>H. melpomene</i> (26)	1512	99	0	94	KU514434.1	27940	26972
<i>H. melpomene</i> (25)	1487	100	0	93	KU514437.1	2589	1636
<i>H. melpomene</i> (24)	1443	100	0	92	CU467807.6	118353	117407
<i>H. melpomene</i> (23)	1407	100	0	90	FP565804.1	9533	10501
<i>H. melpomene</i> (22)	1402	99	0	92	CR974474.4	85317	86228
<i>H. melpomene</i> (21)	1395	100	0	91	KU514433.1	33706	32743
<i>H. melpomene</i> (6)	1389	99	0	90	CU468009.4	3800	2824
<i>H. melpomene</i> (20)	1388	100	0	91	FP245488.3	10840	9878
<i>H. melpomene</i> (19)	1388	100	0	91	FP236845.2	89454	88492
<i>H. numata</i> (1)	1323	100	0	89	FP476061.4	19203	18252
<i>H. melpomene</i> (18)	1310	99	0	96	FP578990.1	7228	6448
<i>H. melpomene</i> (17)	1306	99	0	89	FP885849.1	1665	740
<i>H. melpomene</i> (16)	1303	99	0	89	FP565936.1	2785	3710
<i>H. melpomene</i> (15)	1247	100	0	87	FP700119.1	2145	3059
<i>H. melpomene</i> (14)	1232	100	0	87	FP884222.1	20293	19403
<i>H. melpomene</i> (13)	1171	99	0	93	FP700117.1	31011	31765
<i>H. melpomene</i> (12)	1141	100	0	93	FP700057.1	10027	10774
<i>H. melpomene</i> (11)	974	97	0	96	FP700055.1	21084	20490
<i>H. melpomene</i> (10)	838	96	0	93	FP102340.5	48412	48977
<i>H. numata</i> (2)	796	96	0	91	CU655869.6	118414	117849
<i>H. melpomene</i> (9)	794	99	0	87	CU467808.6	5490	4890
<i>H. melpomene</i> (8)	791	74	0	91	FP884226.1	31964	32506
<i>Helitron-like-4b_Hmel</i>							
<i>H. melpomene</i> (25)	1613	100	0	98	KU514437.1	2589	1637
<i>H. melpomene</i> (29)	1606	100	0	97	CT955980.4	21635	22593
<i>H. melpomene</i> (24)	1604	100	0	97	CU467807.6	118353	117408
<i>H. melpomene</i> (27)	1566	100	0	96	KU514435.1	21661	20693
<i>H. melpomene</i> (26)	1566	100	0	96	KU514434.1	27940	26972

<i>H. numata</i> (4)	1561	100	0	96 FP885880.1	16790	17758
<i>H. melpomene</i> (23)	1555	100	0	95 FP565804.1	9533	10501
<i>H. melpomene</i> (6)	1552	100	0	95 CU468009.4	3800	2824
<i>H. numata</i> (3)	1550	100	0	96 CU856175.4	91155	92119
<i>H. numata</i> (5)	1548	100	0	96 FP236755.1	81787	80828
<i>H. melpomene</i> (22)	1501	100	0	96 CR974474.4	85317	86216
<i>H. melpomene</i> (21)	1494	100	0	94 KU514433.1	33706	32744
<i>H. melpomene</i> (20)	1487	100	0	94 FP245488.3	10840	9879
<i>H. melpomene</i> (19)	1487	100	0	94 FP236845.2	89454	88493
<i>H. melpomene</i> (28)	1467	100	0	93 CU856075.2	85941	86915
<i>H. melpomene</i> (17)	1465	100	0	94 FP885849.1	1665	740
<i>H. melpomene</i> (16)	1460	100	0	94 FP565936.1	2785	3710
<i>H. numata</i> (1)	1431	100	0	92 FP476061.4	19203	18253
<i>H. melpomene</i> (14)	1400	100	0	92 FP884222.1	20293	19404
<i>H. melpomene</i> (15)	1324	100	0	89 FP700119.1	2145	3058
<i>H. melpomene</i> (18)	1297	100	0	97 FP578990.1	7228	6448
<i>H. melpomene</i> (13)	1214	100	0	96 FP700117.1	31011	31765
<i>H. melpomene</i> (12)	1200	100	0	96 FP700057.1	10027	10773
<i>H. melpomene</i> (11)	1020	100	0	98 FP700055.1	21084	20490
<i>H. melpomene</i> (9)	928	100	0	93 CU467808.6	5490	4890
<i>H. melpomene</i> (10)	917	99	0	95 FP102340.5	48412	48991
<i>H. numata</i> (2)	901	99	0	94 CU655869.6	118414	117833
<i>H. melpomene</i> (8)	859	74	0	95 FP884226.1	31960	32506
<i>Helitron-like-5_Hmel</i>						
<i>H. melpomene</i> (22)	969	100	0	96 CR974474.4	112751	113344
<i>H. melpomene</i> (47)	969	100	0	96 CT573313.6	14292	14885
<i>H. melpomene</i> (46)	960	100	0	96 FP700118.1	1803	1210
<i>H. melpomene</i> (21)	951	100	0	95 KU514433.1	25048	25643
<i>H. melpomene</i> (45)	951	100	0	95 KU514432.1	27797	28392
<i>H. melpomene</i> (44)	931	100	0	95 FP700116.1	24328	24919
<i>H. numata</i> (8)	931	100	0	95 FP565803.1	66825	66234
<i>H. numata</i> (1)	926	100	0	95 FP476061.4	22988	22396
<i>H. numata</i> (7)	921	100	0	94 CU633161.3	57166	57758
<i>H. melpomene</i> (43)	917	100	0	94 KU514431.1	22882	23477
<i>H. melpomene</i> (53)	917	100	0	94 KU514430.1	29881	30476
<i>H. melpomene</i> (2)	913	100	0	94 CU462858.4	76027	76621
<i>H. melpomene</i> (1)	897	100	0	94 CU463862.6	18212	18795

<i>H. melpomene</i> (41)	897	100	0	94	CU367882.5	66118	66701
<i>H. melpomene</i> (40)	883	100	0	93	CU681835.4	6783	7377
<i>H. melpomene</i> (39)	883	100	0	93	CU672261.2	118891	119485
<i>H. melpomene</i> (4)	870	100	0	91	FP700054.1	3724	3104
<i>H. melpomene</i> (7)	857	100	0	94	CU672275.5	118977	118420
<i>H. melpomene</i> (19)	857	100	0	94	FP236845.2	13664	13106
<i>H. melpomene</i> (18)	848	100	0	94	FP578990.1	29721	29164
<i>H. melpomene</i> (9)	834	100	0	91	CU467808.6	83339	83936
<i>H. melpomene</i> (10)	830	100	0	93	FP102340.5	60772	60215
<i>H. melpomene</i> (38)	829	100	0	91	CU462842.3	61744	61148
<i>H. melpomene</i> (37)	829	100	0	91	CU856076.2	129966	130562
<i>H. numata</i> (3)	825	100	0	93	CU856175.4	84763	84212
<i>H. numata</i> (2)	825	100	0	93	CU655869.6	94181	93630
<i>H. melpomene</i> (13)	821	100	0	93	FP700117.1	31025	30468
<i>H. melpomene</i> (16)	818	100	0	89	FP565936.1	36069	36625
<i>H. melpomene</i> (20)	792	100	0	89	FP245488.3	17457	16875
<i>H. numata</i> (6)	787	100	0	91	CU655868.2	14510	13970
<i>H. melpomene</i> (36)	765	100	0	91	KU200222.1	28841	28292
<i>H. numata</i> (4)	764	100	0	89	FP885880.1	19805	19212
<i>H. melpomene</i> (35)	729	100	0	92	CU525306.3	4873	4373
<i>H. melpomene</i> (34)	715	100	0	85	FP700121.1	35451	36040
<i>H. melpomene</i> (33)	657	100	0	93	CU856074.2	49122	48682
<i>H. melpomene</i> (32)	639	100	0	93	FP700056.1	19930	20356
<i>H. melpomene</i> (31)	637	100	0	84	FP884225.1	25677	26189
<i>H. melpomene</i> (30)	634	99	0	89	KU200223.1	139	472
<i>Helitron-like-6a_Hmel</i>							
<i>H. melpomene</i> (19)	2293	100	0	98	FP236845.2	2095	750
<i>H. melpomene</i> (1)	2289	100	0	98	CU463862.6	56147	54802
<i>H. melpomene</i> (18)	2233	100	0	96	FP578990.1	10640	9288
<i>H. numata</i> (4)	2192	100	0	96	FP885880.1	71991	70662
<i>H. numata</i> (1)	2185	100	0	96	FP476061.4	31789	30440
<i>H. melpomene</i> (51)	2172	100	0	95	KU514436.1	13429	12071
<i>H. melpomene</i> (14)	2167	100	0	95	FP884222.1	17882	16556
<i>H. melpomene</i> (52)	2127	100	0	95	FP102339.6	6633	5271
<i>H. melpomene</i> (10)	2104	100	0	94	FP102340.5	33757	32430
<i>H. melpomene</i> (25)	2100	100	0	94	KU514437.1	21994	23302
<i>H. melpomene</i> (2)	2089	100	0	94	CU462858.4	89298	90646

<i>H. melpomene</i> (22)	2066	100	0	94	CR974474.4	107515	108869
<i>H. melpomene</i> (47)	2066	100	0	94	CT573313.6	9056	10410
<i>H. melpomene</i> (5)	2042	100	0	94	FP102341.4	11221	12573
<i>H. melpomene</i> (16)	2033	100	0	93	FP565936.1	9465	8136
<i>H. melpomene</i> (27)	1997	99	0	92	KU514435.1	18799	17487
<i>H. melpomene</i> (26)	1997	99	0	92	KU514434.1	25078	23766
<i>H. numata</i> (2)	1844	100	0	96	CU655869.6	114690	115807
<i>H. melpomene</i> (30)	1815	99	0	89	KU200223.1	33654	34925
<i>H. melpomene</i> (9)	1808	94	0	91	CU467808.6	123723	124950
<i>H. numata</i> (3)	1698	100	0	95	CU856175.4	4575	3510
<i>H. numata</i> (13)	1673	99	0	88	CU856181.5	8491	9731
<i>H. melpomene</i> (50)	1604	91	0	91	CU928265.1	39251	40367
<i>H. melpomene</i> (20)	1557	93	0	94	FP245488.3	15006	16023
<i>H. melpomene</i> (48)	1537	93	0	94	FP884224.1	17092	16082
<i>H. melpomene</i> (32)	1530	93	0	93	FP700056.1	18562	19575
<i>H. melpomene</i> (6)	1512	81	0	94	CU468009.4	110833	109861
<i>H. melpomene</i> (33)	1489	93	0	93	CU856074.2	9554	8548
<i>H. melpomene</i> (12)	1335	93	0	88	FP700057.1	9068	10028
<i>H. melpomene</i> (35)	1137	83	0	93	CU525306.3	16882	16148
<i>H. numata</i> (7)	1058	100	0	90	CU633161.3	72924	72187
<i>H. numata</i> (10)	942	78	0	93	CU856182.1	103542	104158
<i>H. numata</i> (9)	942	78	0	93	CU638865.6	78600	79216
<i>H. erato</i> (1)	926	78	0	87	KC469892.1	11218	10459
<i>H. melpomene</i> (39)	872	71	0	95	CU672261.2	40468	41019
<i>H. numata</i> (15)	774	57	0	90	CU914733.2	86303	86858
<i>H. melpomene</i> (3)	57.2	4	1.00E-07	85	FP884223.1	15724	15672
<i>Helitron-like-6b_Hmel</i>							
<i>H. melpomene</i> (5)	2154	100	0	95	FP102341.4	11221	12573
<i>H. melpomene</i> (10)	2154	100	0	95	FP102340.5	150814	152166
<i>H. melpomene</i> (22)	2154	100	0	95	CR974474.4	107515	108869
<i>H. melpomene</i> (47)	2154	100	0	95	CT573313.6	9056	10410
<i>H. numata</i> (1)	2152	100	0	95	FP476061.4	31789	30440
<i>H. melpomene</i> (19)	2145	100	0	95	FP236845.2	2095	750
<i>H. melpomene</i> (1)	2141	100	0	95	CU463862.6	56147	54802
<i>H. numata</i> (4)	2114	100	0	94	FP885880.1	71991	70662
<i>H. melpomene</i> (52)	2113	100	0	94	FP102339.6	6633	5271
<i>H. melpomene</i> (16)	2107	100	0	94	FP565936.1	9465	8136

<i>H. melpomene</i> (2)	2098	100	0	94	CU462858.4	89298	90646
<i>H. melpomene</i> (18)	2060	100	0	94	FP578990.1	10640	9288
<i>H. melpomene</i> (14)	2015	100	0	93	FP884222.1	17882	16556
<i>H. melpomene</i> (51)	2004	100	0	93	KU514436.1	13429	12071
<i>H. melpomene</i> (25)	1992	100	0	92	KU514437.1	21994	23302
<i>H. melpomene</i> (27)	1884	99	0	90	KU514435.1	18799	17487
<i>H. melpomene</i> (26)	1884	99	0	90	KU514434.1	25078	23766
<i>H. melpomene</i> (30)	1873	99	0	90	KU200223.1	33654	34925
<i>H. melpomene</i> (9)	1851	94	0	92	CU467808.6	123723	124950
<i>H. numata</i> (2)	1750	100	0	94	CU655869.6	114690	115807
<i>H. numata</i> (13)	1696	99	0	87	CU856181.5	8491	9731
<i>H. numata</i> (3)	1669	100	0	94	CU856175.4	4575	3510
<i>H. melpomene</i> (50)	1647	91	0	92	CU928265.1	39251	40367
<i>H. melpomene</i> (20)	1568	93	0	94	FP245488.3	15006	16023
<i>H. melpomene</i> (48)	1534	93	0	93	FP884224.1	17092	16082
<i>H. melpomene</i> (33)	1494	93	0	92	CU856074.2	9554	8548
<i>H. melpomene</i> (6)	1370	83	0	91	CU468009.4	110833	109861
<i>H. melpomene</i> (12)	1337	93	0	88	FP700057.1	9068	10028
<i>H. numata</i> (7)	1083	100	0	91	CU633161.3	72924	72187
<i>H. melpomene</i> (35)	1009	83	0	89	CU525306.3	16882	16148
<i>H. erato</i> (1)	960	76	0	89	KC469892.1	11183	10459
<i>H. numata</i> (10)	951	79	0	93	CU856182.1	103542	104158
<i>H. numata</i> (9)	951	79	0	93	CU638865.6	78600	79216
<i>H. melpomene</i> (39)	915	69	0	97	CU672261.2	40468	41019
<i>H. numata</i> (15)	711	59	0	87	CU914733.2	86303	86858
<i>H. melpomene</i> (3)	57.2	4	1.00E-07	85	FP884223.1	15724	15672
<i>Helitron-like-7_Hmel</i>							
<i>H. melpomene</i> (19)	672	100	0	97	FP236845.2	56014	55612
<i>H. melpomene</i> (44)	650	100	0	95	FP700116.1	34431	34032
<i>H. numata</i> (8)	645	100	0	95	FP565803.1	107403	106990
<i>H. melpomene</i> (23)	641	100	0	93	FP565804.1	7530	7952

Helitron-like-11_Hmel

<i>H. melpomene</i> (20)	2219	100	0	98	FP245488.3	14743	16025
<i>H. melpomene</i> (19)	2219	100	0	98	FP236845.2	93357	94639
<i>H. melpomene</i> (32)	2176	99	0	98	FP700056.1	18299	19576
<i>H. melpomene</i> (33)	2143	100	0	97	CU856074.2	9817	8546
<i>H. melpomene</i> (48)	2140	100	0	97	FP884224.1	17355	16080
<i>H. melpomene</i> (22)	2091	100	0	96	CR974474.4	24856	26125
<i>H. melpomene</i> (12)	1977	99	0	94	FP700057.1	8805	10028
<i>H. melpomene</i> (25)	1804	100	0	90	KU514437.1	21994	23304
<i>H. melpomene</i> (27)	1680	99	0	88	KU514435.1	18799	17487
<i>H. melpomene</i> (26)	1680	99	0	88	KU514434.1	25078	23766
<i>H. melpomene</i> (30)	1633	99	0	86	KU200223.1	33654	34925
<i>H. melpomene</i> (9)	1620	93	0	88	CU467808.6	123723	124950
<i>H. melpomene</i> (16)	1615	98	0	95	FP565936.1	9144	8134
<i>H. numata</i> (4)	1609	98	0	95	FP885880.1	71669	70660
<i>H. numata</i> (1)	1590	99	0	95	FP476061.4	31445	30438
<i>H. melpomene</i> (52)	1581	100	0	95	FP102339.6	6290	5269
<i>H. melpomene</i> (2)	1573	99	0	95	CU462858.4	89636	90647
<i>H. numata</i> (3)	1573	99	0	94	CU856175.4	4513	3508
<i>H. numata</i> (2)	1544	99	0	94	CU655869.6	114805	115808
<i>H. melpomene</i> (47)	1541	99	0	93	CT573313.6	9400	10411
<i>H. melpomene</i> (5)	1537	99	0	93	FP102341.4	11565	12575
<i>H. melpomene</i> (10)	1537	100	0	93	FP102340.5	151158	152168
<i>H. melpomene</i> (1)	1532	99	0	93	CU463862.6	512556	52265
<i>H. melpomene</i> (18)	1499	99	0	93	FP578990.1	10292	9286
<i>H. melpomene</i> (50)	1476	90	0	92	CU928265.1	39368	40369
<i>H. melpomene</i> (51)	1411	99	0	91	KU514436.1	13085	12069
<i>H. melpomene</i> (14)	1409	99	0	90	FP884222.1	17538	16554
<i>H. melpomene</i> (6)	1379	86	0	91	CU468009.4	110830	109859
<i>H. numata</i> (13)	1364	99	0	89	CU856181.5	8772	9732
<i>H. melpomene</i> (35)	1025	87	0	90	CU525306.3	16882	16148

<i>H. numata</i> (7)	978	99	0	96	CU633161.3	72127	71529
<i>H. numata</i> (10)	958	76	0	94	CU856182.1	103542	104159
<i>H. numata</i> (9)	958	76	0	94	CU638865.6	78600	79217
<i>H. erato</i> (1)	935	74	0	89	KC469892.1	11175	10459
<i>H. melpomene</i> (39)	935	76	0	98	CU672261.2	40468	41020
<i>H. numata</i> (15)	778	58	0	91	CU914733.2	86303	86858
<i>Helitron-like-12_Hmel</i>							
<i>H. melpomene</i> (43)	1496	100	0	98	KU514431.1	7904	7031
<i>H. melpomene</i> (53)	1496	100	0	98	KU514430.1	14903	14030
<i>H. melpomene</i> (4)	1357	100	0	93	FP700054.1	2558	1666
<i>H. melpomene</i> (2)	1272	100	0	93	CU462858.4	102659	101801
<i>H. melpomene</i> (52)	1231	100	0	92	FP102339.6	88371	89216
<i>H. melpomene</i> (3)	1213	100	0	90	FP884223.1	9815	8956
<i>H. numata</i> (13)	866	100	0	81	CU856181.5	68161	67347
<i>H. melpomene</i> (22)	657	91	0	93	CR974474.4	8065	7626

Helitron-like-13_Hmel

<i>H. melpomene</i> (5)	1786	69	0	93	FP102341.4	12575	11369
<i>H. melpomene</i> (10)	1786	70	0	93	FP102340.5	152168	150962
<i>H. melpomene</i> (22)	1773	70	0	93	CR974474.4	108870	107668
<i>H. melpomene</i> (47)	1773	69	0	93	CT573313.6	10411	9209
<i>H. melpomene</i> (18)	1700	69	0	91	FP578990.1	5114	6299
<i>H. melpomene</i> (1)	1667	72	0	91	CU463862.6	52265	51076
<i>H. numata</i> (1)	1651	69	0	91	FP476061.4	30438	31636
<i>H. melpomene</i> (19)	1651	72	0	90	FP236845.2	29833	28648
<i>H. melpomene</i> (52)	1644	72	0	90	FP102339.6	5265	6481
<i>H. melpomene</i> (16)	1615	65	0	89	FP565936.1	8134	9313
<i>H. melpomene</i> (2)	1600	69	0	89	CU462858.4	90647	89448
<i>H. numata</i> (4)	1563	70	0	89	FP885880.1	70660	71838
<i>H. melpomene</i> (51)	1535	65	0	88	KU514436.1	12069	13274
<i>H. melpomene</i> (14)	1534	70	0	88	FP884222.1	16554	17728
<i>H. numata</i> (2)	1532	70	0	90	CU655869.6	115808	114690
<i>H. melpomene</i> (25)	1471	67	0	87	KU514437.1	23307	22147
<i>H. melpomene</i> (50)	1456	63	0	88	CU928265.1	40369	39251
<i>H. numata</i> (3)	1427	74	0	90	CU856175.4	3508	4575
<i>H. melpomene</i> (30)	1424	66	0	85	KU200223.1	34925	33802
<i>H. melpomene</i> (27)	1424	66	0	86	KU514435.1	17487	18651
<i>H. melpomene</i> (26)	1424	66	0	86	KU514434.1	23766	24930
<i>H. melpomene</i> (20)	1418	60	0	90	FP245488.3	16025	15006
<i>H. numata</i> (13)	1411	66	0	85	CU856181.5	9732	8581
<i>H. melpomene</i> (9)	1407	67	0	87	CU467808.6	124950	123871
<i>H. melpomene</i> (48)	1404	60	0	90	FP884224.1	16080	17092
<i>H. melpomene</i> (32)	1350	61	0	89	FP700056.1	19576	18562
<i>H. melpomene</i> (33)	1323	60	0	88	CU856074.2	8546	9554
<i>H. melpomene</i> (6)	1296	53	0	89	CU468009.4	109859	110833
<i>H. melpomene</i> (12)	1171	60	0	85	FP700057.1	10028	9068
<i>H. numata</i> (7)	1011	69	0	97	CU633161.3	71529	72127
<i>H. numata</i> (10)	930	52	0	92	CU856182.1	104159	103542

<i>H. numata</i> (9)	930	52	0	92	CU638865.6	79217	78600
<i>H. melpomene</i> (35)	902	50	0	87	CU525306.3	16148	16873
<i>H. erato</i> (1)	892	71	0	87	KC469892.1	10459	11175
<i>H. melpomene</i> (39)	892	45	0	95	CU672261.2	41020	40468
<i>H. numata</i> (15)	675	49	0	86	CU914733.2	86858	86303

Tabela S17- Resultados de Blastn *Heliconius* X elementos DNA

Nome convertido	Max Score	Query cover %	e-value	Ident %	Accession	Início	Final
<i>DNA-like-6_Hmel</i>							
<i>H. melpomene</i> (38)	4827	100	0	98	CU462842.3	66552	69377
<i>H. numata</i> (13)	832	36	0	84	CU856181.5	30147	29374
<i>H. numata</i> (8)	827	33	0	84	FP565803.1	56340	57113
<i>H. melpomene</i> (40)	700	35	0	87	CU681835.4	81436	81993
<i>H. melpomene</i> (39)	664	33	0	78	CU672261.2	53166	52443
<i>DNA-like-7_Hmel</i>							
<i>H. numata</i> (12)	3698	100	0	98	FP884220.1	79174	77003
<i>H. melpomene</i> (20)	64.4	4	1.00E-09	95	FP245488.3	48664	48703
<i>H. melpomene</i> (19)	48.2	3	1.00E-04	83	FP236845.2	53983	54030
<i>H. numata</i> (11)	48.2	6	1.00E-04	97	CU914734.5	27281	27309
<i>DNA-like-9_Hmel</i>							
<i>H. numata</i> (4)	2623	100	0	93	FP885880.1	10073	8395
<i>H. melpomene</i> (30)	2475	88	0	95	KU200223.1	30005	31553
<i>H. melpomene</i> (36)	2475	88	0	95	KU200222.1	2997	1449
<i>H. melpomene</i> (9)	2327	88	0	95	CU467808.6	111834	113295
<i>DNA-like-10_Hmel</i>							
<i>H. melpomene</i> (35)	1570	99	0	97	CU525306.3	15215	16149
<i>H. numata</i> (2)	1418	99	0	93	CU655869.6	66134	67081
<i>H. numata</i> (7)	1388	99	0	93	CU633161.3	22438	21500
<i>H. numata</i> (3)	958	99	0	91	CU856175.4	51571	52256
<i>nPIF-6_Hmel</i>							
<i>H. numata</i> (11)	1047	100	0	97	CU914734.5	39249	39867
<i>H. melpomene</i> (50)	1012	99	0	95	CU928265.1	91112	91740

Tabela S18- Resultados de Blastn *Heliconius* X elemento *Tc1/Mariner*

Nome convertido	Max Score	Query cover %	e-value	Ident %	Accession	Início	Final
<i>nTc3-1_Hmel</i>							
<i>H. numata</i> (14)	686	100	0	99	FP885855.2	44044	43660
<i>H. numata</i> (4)	668	100	0	98	FP885880.1	58559	58943
<i>H. melpomene</i> (3)	663	100	0	98	FP884223.1	14583	14967
<i>H. melpomene</i> (37)	646	99	0	98	CU856076.2	48549	48170
<i>H. melpomene</i> (50)	636	100	0	97	CU928265.1	152249	152633
<i>Mariner-4_HMM</i>							
<i>H. melpomene</i> (51)	2376	100	0	99	KU514436.1	32165	33484
<i>H. melpomene</i> (29)	2376	100	0	99	CT955980.4	38169	36850
<i>H. numata</i> (3)	2372	100	0	99	CU856175.4	72502	71183
<i>H. melpomene</i> (9)	2367	100	0	99	CU467808.6	53385	54704
<i>H. melpomene</i> (2)	2367	100	0	99	CU462858.4	134630	135949
<i>nMar-3_Hmel</i>							
<i>H. numata</i> (7)	1608	100	0	97	CU633161.3	102871	101921
<i>H. melpomene</i> (52)	1595	100	0	97	FP102339.6	158987	159927
<i>H. melpomene</i> (10)	1595	100	0	97	FP102340.5	35873	36813
<i>H. melpomene</i> (30)	1584	100	0	96	KU200223.1	23662	24635
<i>H. numata</i> (1)	1573	100	0	97	FP476061.4	103137	104077
<i>H. numata</i> (9)	1472	100	0	94	CU638865.6	88564	87639
<i>nMar-8_Hmel</i>							
<i>H. numata</i> (13)	2280	100	0	94	CU856181.5	45037	43571
<i>H. melpomene</i> (39)	2078	100	0	90	CU672261.2	22302	23761
<i>nMar-9_Hmel</i>							
<i>H. numata</i> (5)	3171	100	0	98	FP236755.1	59325	57462
<i>H. melpomene</i> (24)	3168	100	0	98	CU467807.6	41120	42987
<i>H. melpomene</i> (39)	2924	100	0	95	CU672261.2	97789	99651
<i>H. numata</i> (3)	830	90	0	94	CU856175.4	22546	23076
<i>H. numata</i> (2)	830	90	0	94	CU655869.6	42662	43192
<i>H. melpomene</i> (56)	807	43	0	82	FP884221.1	7823	8622
<i>H. numata</i> (13)	803	42	0	82	CU856181.5	58859	59679
<i>H. melpomene</i> (3)	801	42	0	82	FP884223.1	8289	7467
<i>H. melpomene</i> (44)	794	42	0	83	FP700116.1	30486	31286
<i>H. melpomene</i> (9)	778	42	0	81	CU467808.6	50775	51586
<i>H. melpomene</i> (38)	773	43	0	81	CU462842.3	151489	152307
<i>H. melpomene</i> (55)	769	42	0	81	KU514438.1	25041	25856

<i>H. melpomene</i> (27)	756	42	0	81	KU514435.1	12596	11793
<i>H. melpomene</i> (26)	756	42	0	81	KU514434.1	18875	18072
<i>H. melpomene</i> (21)	755	42	0	81	KU514433.1	9354	8558
<i>H. melpomene</i> (45)	755	42	0	81	KU514432.1	12103	11307
<i>H. melpomene</i> (18)	755	42	0	81	FP578990.1	40377	39581
<i>H. melpomene</i> (43)	747	42	0	81	KU514431.1	12358	11564
<i>H. melpomene</i> (53)	747	42	0	81	KU514430.1	19357	18563
<i>H. numata</i> (1)	726	45	0	83	FP476061.4	4267	3525
<i>H. melpomene</i> (32)	708	42	0	80	FP700056.1	29600	28842
<i>H. melpomene</i> (54)	708	42	0	80	FP578989.1	38235	38993
<i>H. numata</i> (4)	673	42	0	78	FP885880.1	2765	3504

Tabela suplementar (19) de resultados de Blastn dos Elementos de Classe I em relação a outros organismos.

Tabela S19- Resultados de Blastn outros organismos X elemento *Proto2*

Nome convertido	Max Score	Query cover %	e-value	Ident %	Accession	Início	Final
<i>Proto2-3_Hmel</i>							
<i>Amyeloidis transitella</i> (2)	825	57	0	83	XM013339517.1	790	1584

Tabelas suplementares (20-22) de resultados de Blastn dos Elementos de Classe I em relação a outros organismos.

Tabela S20- Resultados de Blastn outros organismos X elementos *Tc1/Mariner*

Nome convertido	Max Score	Query cover %	e-value	Ident %	Accession	Início	Final
<i>Mariner-1_HMM</i>							
<i>Tapinoma nigerrimum</i> (10)	1353	100	0	83	LN554869.1	1	1316
<i>Tapinoma nigerrimum</i> (9)	1348	100	0	83	LN554870.1	1311	1
<i>Tapinoma nigerrimum</i> (8)	1346	100	0	83	LN554878.1	1	1315
<i>Tapinoma nigerrimum</i> (7)	1330	100	0	82	LN554874.1	1291	1
<i>Tapinoma nigerrimum</i> (6)	1324	100	0	82	LN554875.1	1	1307
<i>Tapinoma nigerrimum</i> (5)	1319	100	0	82	LN554873.1	1	1329
<i>Tapinoma nigerrimum</i> (4)	1303	100	0	82	LN554877.1	1	1316
<i>Tapinoma nigerrimum</i> (3)	1276	100	0	81	LN554876.1	1	1275
<i>Tapinoma nigerrimum</i> (2)	1220	100	0	80	LN554872.1	1	1308
<i>Tapinoma nigerrimum</i> (1)	1171	100	0	80	LN554871.1	1254	1
<i>Vollenhovia emeryi</i> (3)	957	100	0	76	XM012003757.1	165	1482
<i>Mariner-5_HMM</i>							
<i>Rhynchosciara americana</i> (1)	657	69	0	91	DQ78457.1	421	890
<i>Mariner-7_HMM</i>							
<i>Bombyx mori</i> (1)	688	96	0	89	XR002430451.1	675	144
<i>nMar-21_Hmel</i>							
<i>Tapinoma nigerrimum</i> (11)	839	100	0	94	LN554866.1	905	1
<i>Tapinoma nigerrimum</i> (21)	825	100	0	80	LN554859.1	907	1
<i>Tapinoma nigerrimum</i> (17)	820	100	0	80	LN554857.1	907	1
<i>Tapinoma nigerrimum</i> (25)	812	100	0	79	HE577160.1	1868	968
<i>Tapinoma nigerrimum</i> (18)	809	100	0	79	LN554867.1	906	1
<i>Tapinoma nigerrimum</i> (26)	807	100	0	79	HE577163.1	1868	968
<i>Tapinoma nigerrimum</i> (27)	807	100	0	79	HE577162.1	1869	968
<i>Tapinoma nigerrimum</i> (28)	801	100	0	79	HE577164.1	1869	968
<i>Tapinoma nigerrimum</i> (23)	800	100	0	78	LN554858.1	904	1
<i>Tapinoma nigerrimum</i> (29)	794	100	0	79	HE577161.1	1868	968

<i>Tapinoma nigerrimum</i> (30)	792	100	0	79	HE577159.1	1869	968
<i>Tapinoma nigerrimum</i> (13)	782	100	0	78	LN554863.1	904	1
<i>Tapinoma nigerrimum</i> (15)	774	100	0	78	LN554855.1	907	1
<i>Tapinoma nigerrimum</i> (12)	769	100	0	78	LN554864.1	883	1
<i>Tapinoma nigerrimum</i> (19)	769	100	0	78	LN554856.1	898	1
<i>Tapinoma nigerrimum</i> (22)	764	100	0	78	LN554865.1	900	1
<i>Tapinoma nigerrimum</i> (24)	751	100	0	78	LN554861.1	903	1
<i>Tapinoma nigerrimum</i> (20)	744	100	0	77	LN554868.1	892	1
<i>Tapinoma nigerrimum</i> (14)	726	100	0	77	LN554862.1	887	1
<i>Tapinoma nigerrimum</i> (16)	661	100	0	75	LN554860.1	882	1

Tabela S21- Resultados de Blastn outros organismos X elementos *Helitron*

Nomes convertidos	Max Score	Query cover %	e-value	Ident %	Accession	Início	Final
<i>Helitron-4_HMM</i>							
<i>Athalia rosae</i> (2)	857	30	0	79	XM012409247.1	387	1332
<i>Acyrtosiphon pisum</i> (1)	756	30	0	77	XM003240776.1	969	1920
<i>Helitron-like-8_Hmel</i>							
<i>Athalia rosae</i> (2)	1032	25	0	83	XM012409247.1	372	1332
<i>Acyrtosiphon pisum</i> (1)	948	25	0	81	XM003240776.1	954	1920

Tabela S22- Resultados de Blastn outros organismos X elementos *piggyBac*

Nome convertido	Max Score	Query cover %	e-value	Ident %	Accession	Início	Final
<i>piggyBac-2_Hmel</i>							
<i>Chilo suppressalis</i> (1)	4260	100	0	99	JX294476.1	1	2406
<i>Spodoptera litura</i> (15)	3407	80	0	99	XM022979156.1	214	2150
<i>Papilio xuthus</i> (6)	2888	85	0	98	XM013309539.1	454	2113
<i>Helicoverpa armigera</i> (16)	2459	56	0	99	XM021336537.1	11	1387
<i>Spodoptera litura</i> (14)	2340	55	0	99	XM022973504.1	10	1347
<i>Bombyx mori</i> (19)	1397	41	0	99	XM012696945.2	1413	2199
<i>Bombyx mori</i> (18)	1355	41	0	98	XM012692514.2	464	1239

Anexo 1. Listas das superfamílias e famílias de elementos de Classe I encontrados no Repbase e analisados no presente estudo.

Lista de elementos da Superfamília RTE:

RTE-1_HMe, RTE-2_Hmel, RTE-3_Hmel, RTE-4_Hmel, RTE-5_Hmel, RTE-6_Hmel, RTE-6_HMM, RTE-7_Hmel, RTE-8_Hmel, RTE-9_Hmel, RTE-10_Hmel, RTE-11_Hmel, RTE-11_HMM, RTE-12_Hmel, RTE-12_HMM, RTE-13_Hmel, RTE-14_Hmel, RTE-15_Hmel, RTE-16_Hmel, RTE-17_Hmel, RTE-18_Hmel, RTE-18_HMM, RTE-19_Hmel, RTE-20_Hmel, RTE-20_HMM

Total de elementos da superfamília *RTE* analisados: 25

Lista de elementos da Superfamília Gypsy:

Gypsy-1_HMM-I, Gypsy-1_HMM-LTR, Gypsy-2_HMM-I, Gypsy-2_HMM-LTR, Gypsy-3_HMM-I, Gypsy-3_HMM-LTR, Gypsy-4_HMM-I, Gypsy-4_HMM-LTR, Gypsy-5_HMM-I, Gypsy-5_HMM-LTR, Gypsy-6_HMM-I, Gypsy-6_HMM-LTR, Gypsy-7_HMM-I, Gypsy-7_HMM-LTR, Gypsy-8_HMM-I, Gypsy-8_HMM-LTR, Gypsy-9_HMM-I, Gypsy-9_HMM-LTR, Gypsy-10_HMM-I, Gypsy-10_HMM-LTR, Gypsy-11_Hmel_I, Gypsy-11_Hmel_LTR, Gypsy-12_Hm, Gypsy-13_Hmel_I, Gypsy-13_Hmel_LTR, Gypsy-14_Hmel_I, Gypsy-14_Hmel_LTR

Total de elementos da superfamília *Gypsy* analisados: 27

Lista dos elementos da Superfamília I:

I-1_Hmel, I-1_HMM, I-2B_HMM, I-3_HMM

Total de elementos da superfamília *I* analisados: 4

Lista dos elementos da Superfamília *Jockey*:

Jockey-1_Hmel, Jockey-1B_Hmel, Jockey-2_Hmel, Jockey-2_HMM, Jockey-3_Hmel, Jockey-3_HMM, Jockey-4_Hmel, Jockey-4_HMM, Jockey-5B_Hmel, Jockey-5_Hmel, Jockey-6_Hmel, Jockey-7_Hmel, Jockey-7_HMM, Jockey-8_Hmel, Jockey-1B_Hmel.

Total de elementos da superfamília *Jockey* analisados: 16

Lista dos elementos da Superfamília *BEL*:

BEL-1_HMM-I, BEL-1_HMM-LTR, BEL-2_HMM-I, BEL-2_HMM-LTR.

Total de elementos da superfamília *BEL* analisados: 4

Lista dos elementos da Superfamília *Penelope*:

Penelope-1_HMM, Penelope-2_HMM

Total de elementos da superfamília *Penelope* analisados: 2

Lista dos elementos da Superfamília *COPIA*:

Copia-1_HMM-I, Copia-1_HMM-LTR, Copia-2_Hm

Total de elementos da superfamília *COPIA* analisados: 3

Lista dos elementos da Superfamília *LTR*:

LTR-2_Hm, LTR-3_gypsy_Hm, LTR-4_Hm, LTR-5_Hm, LTR-6_Hm, LTR-9_Hm, LTR-10_Hm_I, LTR-10_Hm_LTR, LTR-11_Hm_LTR, LTR-13_Hm_LTR, LTR-14_Hm_LTR, LTR-15_Hm_I, LTR-15_Hm_LTR, LTR-16_Hm_I, LTR-16_Hm_LTR

Total de elementos da superfamília *LTR* analisados: 15

Lista dos elementos da Superfamília *Metulj*:

Metulj-0_Hmel, Metulj-1_Hmel, Metulj-2_Hmel, Metulj-3_Hmel, Metulj-4_Hmel, Metulj-5_Hmel, Metulj-6_Hmel, Metulj-7_Hmel.

Total de elementos da superfamília *Metulj* analisados: 8

Lista de elementos da Superfamília *Proto2*:

Proto2-1_Hmel, Proto2-2_Hmel, Proto2-2_HMM, Proto2-3_Hmel.

Total de elementos da superfamília *Proto2* analisados: 4.

Lista de elementos da Superfamília *R1*:

R1-1_Hmel, R1-1_HMM, R1-2_Hmel, SART-1_HMM, SART-1B_HMM, SART-R1_Hmel, TRAS-1_HMM, TRAS1-R1_Hmel.

Total de elementos da Superfamília *R1* analisados: 8.

Lista de elementos da Superfamília *R4*:

R4-1_HMe, R4_Hmel, Dong-1_HMM, Dong-2_HMM.

Total de elementos da Superfamília *R4* analisados: 4.

Lista de elementos da Superfamília *Utopia*:

Utopia-1_HMM

Total de elementos da Superfamília *Utopia* analisados: 1.

Lista de elementos da Superfamília *Vingi*:

Vingi-1_Hmel

Total de elementos da Superfamília *Vingi* analisados: 1

Lista de elementos da Superfamília Kiri:

Kiri-1_HMM, Kiri-2_HMM, Kiri-3_HMM, Kiri-5_HMM, Kiri-7_HMM, Kiri-8B_HMM, Kiri-10_HMM, Kiri-12_HMM, Kiri-13_HMM, Kiri-17_HMM, Kiri-20_HMM.

Total de elementos analisados da Superfamília *Kiri*: 11.

Lista de elementos da Superfamília CRI:

CRI-1_Hmel, CRI-1_HMM, CRI-2_Hmel, CRI-2_HMM, CRI-3_Hmel, CRI-4_Hmel, CRI-5_Hmel, CRI-5_HMM, CRI-6_Hmel, CRI-6_HMM, CRI-7_Hmel, CRI-7_HMM, CRI-8_Hmel, CRI-8_HMM, CRI-9_Hmel, Zenon-1_Hmel, Zenon-2_Hmel, Zenon-3_Hmel.

Total de elementos da Superfamília *CRI* analisados: 18.

Lista de elementos da Superfamília Daphne:

Daphne-1_Hmel, Daphne-1_HMM, Daphne-2_Hmel, Daphne-2_HMM, Daphne-3_HMM, Daphne-6_HMM, Daphne-7_HMM, Daphne-10_HMM.

Total de elementos analisados da Superfamília *Daphne*: 8.

Lista de elementos da Superfamília L2:

L2-1_Hmel, L2-2_Hmel, L2-3_Hmel, L2-4_Hmel, L2-5_Hmel, L2-6_Hmel, L2-7_Hmel, L2-8_Hmel, L2-9_Hmel, L2-10_Hmel, L2-11_Hmel, L2-12_Hmel, L2-13_Hmel, L2-14_Hmel, L2-15_Hmel.

Total de elementos analisados da Superfamília *L2*: 15

Anexo 2. Listas de superfamílias e famílias de elementos de Classe II encontrados no Repbase e analisados no presente estudo.

Lista de elementos da Superfamília *nhAT*:

nhAT-1_Hmel, nhAT-2a_Hmel, nhAT-2b_Hmel, nhAT-2c_Hmel, nhAT-3_Hmel, nhAT-4_Hmel, nhAT-5_Hmel, nhAT-6_Hmel, nhAT-7_Hmel, nhAT-8_Hmel, nhAT-9_Hmel, nhAT-10_Hmel.

Total de elementos da superfamília *nhAT* analisados: 12

Lista de elementos da Superfamília *piggyBac*:

npiggyBac-1_Hmel, npiggyBac-2_Hmel, npiggyBac-3_Hmel, npiggyBac-4_Hmel, npiggyBac-5_Hmel, npiggyBac-6_Hmel, npiggyBac-7_Hmel, npiggyBac-8_Hmel, piggyBac-1_Hmel, piggyBac-2_Hmel, piggyBac-4_HMM, piggyBac-5_HMM.

Total de elementos da Superfamília *piggyBac* analisados: 12.

Lista de elementos da Superfamília *REP*:

REP-1_HMM

Total de elementos da Superfamília *REP* analisados: 1.

Lista de elementos da Superfamília *Helitron*:

Helitron-N2_HMM, Helitron-N2B1_HMM, Helitron-2_HMM, Helitron-3_HMM, Helitron-4_HMM, Helitron-like-1_Hmel, Helitron-like-2_Hmel, Helitron-like-3_Hmel, Helitron-like-4a_Hmel, Helitron-like-4b_Hmel, Helitron-like-5_Hmel, Helitron-like-6a_Hmel, Helitron-like-6b_Hmel, Helitron-like-7_Hmel, Helitron-like-8_Hmel, Helitron-like-9_Hmel, Helitron-like-10_Hmel, Helitron-like-11_Hmel, Helitron-like-12_Hmel, Helitron-like-13_Hmel, Helitron-like-14_Hmel, Helitron-like-15_Hmel, Helitron-like-16_Hmel.

Total de elementos da Superfamília *Helitron* analisados: 23

Lista de elementos da Superfamília DNA:

DNA-like-1_Hmel, DNA-like-3_Hmel, DNA-like-6_Hmel, DNA-like-7_Hmel, DNA-like-8_Hmel, DNA-like-9_Hmel, DNA-like-10_Hmel, DNA-like-11_Hmel, DNA-like-13_Hmel, DNA-like-14_Hmel, Npif-1_Hmel, Npif-2_Hmel, Npif-3_Hmel, Npif-4_Hmel, Npif-5_Hmel, Npif-6_Hmel.

Total de elementos analisados da Superfamília DNA: 16.

Lista de elementos da Superfamília Tc1/Mariner:

Mariner-1_Hmel, Mariner-1_HMM, Mariner-4_HMM, Mariner-5_HMM, Mariner-6_HMM, Mariner-7_HMM, nMar-1_Hmel, nMar-2_Hmel, nMar-3_Hmel, nMar-4_Hmel, nMar-5_Hmel, nMar-6_Hmel, nMar-7_Hmel, nMar-8_Hmel, nMar-9_Hmel, nMar-10_Hmel, nMar-11_Hmel, nMar-12_Hmel, nMar-13_Hmel, nMar-14_Hmel, nMar-15_Hmel, nMar-16_Hmel, nMar-17_Hmel, nMar-18_Hmel, nMar-19_Hmel, nMar-20_Hmel, nMar-21_Hmel, nTc3-1_Hmel, nTc3-2_Hmel, nTc3-3_Hmel, nTc3-4_Hmel.

Total de elementos analisados da Superfamília Tc1/Mariner: 31.