



Evento	Salão UFRGS 2018: SIC - XXX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2018
Local	Campus do Vale - UFRGS
Título	Reconstrução da história filogenética e distribuição do retrotransposon CR1_E em genomas disponíveis em banco de dados
Autor	ANDREA GOMES TAVANTI
Orientador	MARÍNDIA DEPRÁ

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

Andrea Gomes Tavanti¹, Natasha Ávila Bertocchi¹, Maríndia Deprá¹

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

Elementos transponíveis (TEs) são sequências que possuem a particularidade de se mobilizar nos genomas, estando presentes ubiquamente nos organismos. Os retrotransposons *Chicken repeat 1* (CR1) constituem uma superfamília de TEs com estudos incipientes e restritos aos genomas aviários. O objetivo desse trabalho foi reconstruir a história filogenética e distribuição de elementos CR1_E-like através da busca por sequências homólogas disponíveis em bancos de dados. Para isso, utilizamos as sequências CR1_E_pass, CR1_E_PPU e CR1_E_VSP como sonda para buscas, através do BLASTn, nos bancos de dados Genbank e Flybase. Somente os resultados de BLAST menores que e-10 foram analisados. As sequências foram alinhadas utilizando os parâmetros default da plataforma MAFFT v. 7 e os resultados visualizados e manualmente editados através do software Aliview. Foram construídas matrizes de identidade através do software UGENE para identificação da conservação das sequências. Por fim, foram estabelecidas as relações filogenéticas das três sondas com suas sequências homólogas, e das mesmas com o acervo de TEs CR1 disponíveis no banco de dados Repbase. Utilizamos o método *Maximum Likelihood* (ML) através do software MEGA. Observamos sequências principalmente nas maiores linhagens de amniotas (mamíferos, répteis e aves), além de grupos distintos como peixes e bactéria (*Escherichia coli*). Portanto a distribuição de sequências CR1_E-like não foram de acordo com a filogenia dos genomas hospedeiros, sugerindo possíveis eventos de transferência horizontal. Além disso, a presença destes TEs nos genomas de amniotas corrobora a hipótese de terem sido inseridos no ancestral em comum desse grupo, porém evoluíram distintamente em cada linhagem.

Palavras-chave: Elementos transponíveis; *Long Interspersed Nuclear Element* (LINE); Aves