

AFONSO; Maria Eduarda Silva da Gama¹, UTSUNOMIA; Ricardo Utsunomia², ALVES; Dálete Cássia Vieira³

RESUMO

O genoma dos organismos eucariotos é majoritariamente composto de sequências de DNA repetitivos, como os DNAs satélites (satDNAs), que são sequências únicas repetidas em tandem. Em geral, essas sequências encontram-se localizadas em regiões pericentroméricas e subteloméricas do cromossomo e não apresentam uma função geral definida. Por esta razão, os satDNAs evoluem livremente sem qualquer pressão seletiva, caracterizando-os como um tipo de sequência de rápida evolução molecular. No entanto, um DNA satélite altamente conservado constituído por monômeros de 21 pares de base (ApaSat09-21) foi encontrado em satelitomas de espécies de Characiformes, bem como nos genomas de diversas outras espécies da Infraclasse Teleostei. Isto desafia as predições de evolução molecular deste tipo de sequência, presente nos genomas destas espécies por dezenas de milhões de anos. Desta forma, objetivou-se delimitar a ocorrência taxonômica deste DNA satélite, caracterizando a sua organização genômica, diversidade e abundância, além de comparar a estrutura genômica detalhada deste satDNA em diversas espécies com genomas sequenciados e montados utilizando abordagens de bioinformática. No projeto PVBS2370-2021 analisamos a ocorrência e estrutura deste satDNA em diferentes espécies pertencentes a diversas ordens da Infraclasse Teleostei, incluindo: Acipenseriformes, Amiiformes, Anguilliformes, Clupeiformes, Characiformes, Cypriniformes, Elopiformes, Esociformes, Gadiformes, Galaxiiformes, Gonorynchiformes, Gymnotiformes, Lepisosteiformes, Osmeriformes, Osteoglossiformes, Perciformes, Pleuronectiformes, Polypteriformes, Salmoniformes, Scombriformes, Siluriformes e Stomiatiformes. Vale ressaltar que foram selecionados pelo menos uma espécie representante de cada ordem e que as espécies selecionadas para análise foram definidas de acordo com a disponibilidade de bibliotecas nucleotídicas nos bancos de dados públicos, principalmente no NCBI. Diferentes tipos de bibliotecas de sequenciamento de nova geração (NGS) foram analisadas, *short* e *long reads*, para a verificação de presença do referido DNA satélite. Ferramentas como o BLAST foram utilizadas para a busca de homologia entre o satDNA e as bibliotecas nucleotídicas das espécies da Infraclasse Teleostei. Utilizou-se também as pipelines RepeatProfiler e Noise-cancelling Repeat Finder para avaliação organizacional dos satDNAs encontrados nas bibliotecas das espécies em análise, e comparação das repetições em tandem do satDNA ApaSat09-21 em diferentes espécies, respectivamente. Os resultados apontaram a ocorrência de repetições em tandem em representantes de algumas ordens analisadas, como em Perciformes e Pleuronectiformes, sugerindo a ampla distribuição dessa sequência de DNA satélite na Infraclasse Teleostei, assim como observamos a ausência em ordens mais próximas filogeneticamente de Characiformes, como Gymnotiformes. Nesse sentido, sugere-se que, apesar da ausência em algumas ordens, a conservação desta sequência por um longo período de tempo, em ordens distintas, pode estar associada a alguma função biológica que essa sequência tenha adquirido ao longo da evolução dos Teleostei.

PALAVRAS-CHAVE: DNA repetitivo, DNA satélite, Genômica, Teleostei, Citogenética

¹ UFRRJ, mariaed_afonso@ufrrj.br

² UNESP, ut_ricardo@yahoo.com.br

³ UFRRJ, daletecassia@gmail.com

¹ UFRRJ, mariaed_afonso@ufrj.br
² UNESP, ut_ricardo@yahoo.com.br
³ UFRRJ, daletecassia@gmail.com