

Ciências Biológicas

## **Filogenia dos elementos de transposição em três espécies de Piper L.**

Lara Beatriz Oliveira - 7º módulo de Ciências Biológicas/Bacharelado, ICN/UFLA, bolsista PIBIC/CNPq.

Liliana Rocivalda Gomes Leitão - Coorientadora, Pós-graduanda em Genética e Melhoramento de Plantas, ICN/UFLA.

Jacson Rondinelli da Silva Negreiros - Embrapa Acre.

Magdalena Vaio Scvortzoff - Universidad de la República, Montevideu, Uruguai.

Giovana Augusta Torres - Orientadora, Professora do Departamento de Biologia, ICN/UFLA - Orientador(a)

### **Resumo**

Espécies de Piper L. provenientes da Amazônia brasileira vêm ganhando destaque nas indústrias farmacêuticas, cosméticas e de biopesticidas como fontes promissoras para extração de compostos como safrol, dilapiol e sarisan de seus óleos essenciais, em escala comercial. Um obstáculo enfrentado no manejo do germoplasma é a controvérsia sobre a posição taxonômica de Piper aduncum L., Piper hispidinervum C. DC. e Piper aff. hispidinervum C. DC, decorrente da alta similaridade morfológica e citogenética entre elas. O objetivo desse trabalho foi analisar a filogenia dos retroelementos mais abundantes nos genomas dessas três espécies, a fim de inferir sobre a relação de proximidade entre P. aduncum, P. hispidinervum e P. aff. hispidinervum. A partir da análise dos dados de sequenciamento de baixa cobertura do genoma das três espécies e de Piper nigrum L. com grupo externo, foram selecionados os retrotansposons (RT) mais abundantes, dos quais foram extraídos os domínios conservados utilizando a ferramenta DANTE da plataforma Repeat Explorer. Cerca de 60 sequências de domínios proteicos RT foram retiradas, aleatoriamente, do banco de dados de domínios proteicos REXdb. As sequências dos aminoácidos foram alinhadas por meio do algoritmo MUSCLE e as filogenias foram obtidas utilizando o método Neighbor-Joining com valores de 5.000 bootstrap. O alinhamento e montagem das árvores filogenéticas foram realizadas no software MEGA X. As superfamílias Ty3-Gypsy e Ty1-Cópia foram as mais abundantes dos RT nos genomas de todas as espécies. A superfamília Ty3-Gypsy sofreu uma divergência evolutiva originando uma divisão com sete grandes clados, possuindo linhagens comuns entre as espécies. Para a superfamília Ty1-Cópia foram formados quatro grandes clados, também apresentando linhagens em comum. Os agrupamentos revelaram alta proximidade entre as espécies brasileiras, e diferenciação das três com relação ao grupo externo, havendo formação de um clado com linhagens específicas de P. nigrum. Esses resultados indicam alta proximidade entre as espécies nativas de Piper e corrobora a hipótese de que se tratam de uma única espécie.

Palavras-Chave: Pimenta longa, DNA repetitivo, retrotransposon.

Instituição de Fomento: FAPEMIG e CNPq

Link do pitch: <https://youtu.be/VBJUMXe5WpA>