



DISTRIBUIÇÃO DE ELEMENTOS TRANSPONÍVEIS NA LAGARTIXA PAMPEANA *Homonota uruguayensis* (PHYLLODACTYLIDAE)

Teilor Carvalho Koscrevic, discente de graduação, Universidade Federal do Pampa, Campus São Gabriel;

Nairo Farias de Farias, discente de pós-graduação, Universidade Federal do Pampa, Campus São Gabriel;

Tiago Gomes dos Santos, docente, Universidade Federal do Pampa;

Fabiano Pimentel Torres, docente, Universidade Federal do Pampa.

teilorkoscrevic.aluno@unipampa.edu.br

A diversidade genética animal contempla a quantidade total de variações genéticas observada tanto entre as populações de uma espécie como entre os indivíduos de uma população, podendo ser identificada por meio de diferentes tipos de marcadores genéticos, como: citogenéticos, bioquímicos, moleculares. Dentre os marcadores moleculares, uma das principais abordagens para estudá-los é a identificação de DNAs repetitivos, que compõem uma grande fração do genoma, podendo-se utilizar uma considerável gama de diferentes marcadores. Um dos principais representantes da fração de DNA repetitivo dos genomas são os Elementos Transponíveis (TEs). Os TEs são sequências de DNA que possuem a capacidade (intrínseca ou não) de se transpor num cromossomo, entre cromossomos e ou até mesmo entre genomas, promovendo variabilidade genética, alterações na expressão e regulação gênicas, rearranjos cromossômicos, aumento do tamanho do genoma e até mesmo transferência horizontal de genes. Basicamente, os TEs são divididos em dois grupos (Classes) com base no seu sistema de transposição: transposons, que se transpõem via DNA; e retrotransposons, que se transpõem via RNA. Dentre os vertebrados, os répteis apresentam uma grande variação e diversidade do conteúdo de DNA repetitivo e, em particular, os répteis squamata têm apresentado um panorama diferente na composição, diversidade e atividade de TEs em relação a outros vertebrados, como aves e mamíferos, o que torna o estudo dessas sequências repetitivas no genoma dessas espécies bastante interessantes e promissoras. Representante dos Squamata, a lagartixa *Homonota uruguayensis*, mais conhecida como Gekko-do-campo, pertence à família Phyllodactylidae, possui uma distribuição restrita à parte da região pampeana do Rio Grande do Sul e Uruguai, e tem despertado interesse de pesquisadores sob perspectivas ecológicas, taxonômicas e de genética de populações. No entanto, sobre a diversidade genética dessa espécie, do ponto de vista dos TEs, nenhum estudo é conhecido ainda. Dessa forma, o presente trabalho tem como objetivo o estudo da presença, diversidade e evolução de TEs no genoma de *H. uruguayensis*, como forma de contribuir para o conhecimento da diversidade genética da mesma, sob a perspectivas dessas sequências repetitivas genômicas. As amostras do tecido caudal das lagartixas foram coletadas no município de Rosário do Sul, sem necessidade de morte dos animais. As extrações de DNA genômico foram realizadas a partir de amostras do tecido caudal com kit de purificação comercial, seguindo recomendações do fabricante ou pelo método de purificação com fenol-clorofórmio. A identificação dos elementos transponíveis de interesse foi feita por amplificação via PCR (Reação em Cadeia da Polimerase), utilizando-se *primers* específicos para cada elemento: um retrotransposon - *CRI*; e um transposon - *galluhop*. Os fragmentos de DNA amplificados foram submetidos à eletroforese em gel de agarose 1,2%, visualizados e registrados em fotodocumentador sob luz ultravioleta. Como resultados,

fragmentos de tamanhos esperados de ambos os tipos de TEs foram identificados em *H. uruguayensis*, tanto retrotransposons *CRI* (*ChickenRepeat1*), uma das famílias mais abundantes no genoma de amniotas, como o transposon *galluhop* que, em aves, apresenta uma distribuição bastante restrita. Ainda que preliminarmente, estes são os primeiros TEs identificados no genoma dessa espécie, porém, análises posteriores estão sendo conduzidas no sentido de purificação, sequenciamento e confirmação desses fragmentos de DNA amplificados. Tais procedimentos servirão para análises sobre a estrutura, funcionalidade e integridade desses elementos, bem como futuras análises evolutivas dos mesmos.

Palavras-chave: Diversidade genética animal; DNA repetitivo; Squamata.