

## **Identificação de um retrotransposon Bov-B no pica-pau-do-campo *Colaptes campestris* (Piciformes: Aves)**

Hybrain Severo Salau, discente de graduação, Universidade Federal do Pampa, Campus São Gabriel;

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;

Fabiano Pimentel Torres, docente, Universidade Federal do Pampa

E-mail – [hybraimsalau.aluno@unipampa.edu.br](mailto:hybraimsalau.aluno@unipampa.edu.br)

Nas aves, a conexão entre o voo e o tamanho reduzido dos seus genomas, sugere que estes organismos, possuam um genoma compacto em relação aos demais vertebrados, devido à alta taxa metabólica necessária para a manutenção do voo. Essa redução genômica, é causada por deleções oriundas de rearranjos cromossômicos, tamanho reduzido de íntrons, e uma baixa expansão de elementos transponíveis (TEs). Os elementos transponíveis, também conhecidos como “genes saltadores”, são sequências de DNA repetitivo que possuem a capacidade de mudar sua posição não somente dentro de um genoma, mas também horizontalmente, ou seja, entre diferentes organismos sem que haja hereditariedade. A transposição ou inserção de uma sequência móvel em um DNA, resulta em diversas mudanças no genoma de um indivíduo, sendo um mecanismo de expansão genômica, fonte de mutações e polimorfismos genéticos, em adição a alterações na regulação e expressão gênica. Os mecanismos de transposição destes elementos baseiam a divisão dos TEs, que são divididos em duas grandes classes, os retrotransposons ou elementos de classe I, utilizam como intermediário de transposição um RNA, através de um mecanismo de “copia-e-cola”, enquanto os elementos de classe II, também conhecidos como transposons, são mobilizados por meio de um intermediário de DNA, utilizando majoritariamente um mecanismo de “corta-e-cola”. A classe Aves apresenta uma baixa porcentagem de TEs em seu genoma (cerca de 9 - 10%) quando comparada a outros vertebrados, porém a família *Picidae* (pica-paus), extraordinariamente possui cerca de 20% do seu DNA composto por elementos transponíveis, característica que não apenas torna a família ideal para o estudo destas sequências móveis em seu material genético, mas também faz com que as espécies desta família, sejam organismos de grande interesse para a diversidade genética das aves de modo geral. O *Colaptes campestris*, conhecido popularmente como pica-pau-do-campo, pertence à família *Picidae*, tem ocorrência ampla desde o nordeste do Brasil, até o Uruguai, tendo uma maior concentração no sudeste brasileiro. Os estudos relacionados à evolução e diversidade genética da família, com enfoque em sequências móveis do DNA encontram-se em estágio incipiente, fato que, quando somado a abundância em relação à presença de TEs no genoma destas aves, apresenta um panorama favorável para o estudo sob esta perspectiva. Desse modo, o presente trabalho tem como objetivo investigar a diversidade, evolução e presença de elementos transponíveis em *C. campestris*, com o intuito de colaborar para o conhecimento relacionado a diversidade e evolução genética não só da espécie em questão, mas de toda a classe à qual ela representa. Utilizando o método fenol-clorofórmio, foi feita a extração do DNA genômico a partir de amostras teciduais. Por meio

da técnica de Reação em Cadeia da Polimerase (PCR), o DNA genômico foi amplificado com a finalidade de identificar os elementos transponíveis de interesse, fazendo uso de *primers* específicos para o retrotransposon Bov-B. Os fragmentos de DNA amplificados foram submetidos à eletroforese em gel de agarose 1%, visualizados e registrados em fotodocumentador sob incidência de luz ultravioleta, acompanhados de marcador de peso molecular de 100bp. A partir dos *primers* utilizados, foram detectados produtos de amplificação de tamanho esperado para o elemento Bov-B de aproximadamente 500pb, bem como produtos de tamanho maior (aproximadamente 700pb). Os produtos de PCR de interesse foram isolados e purificados da banda de gel de agarose 1% com o Kit de extração e purificação de PCR, seguindo as recomendações do fornecedor e, posteriormente, enviados para sequenciamento. A partir das sequências obtidas, pretende-se realizar análises de identificação, confirmação e comparação destas com sequências genômicas depositadas nos bancos de dados, bem como possíveis análises evolutivas do elemento Bov-B na família *Picidae*.

**Agradecimentos:** UNIPAMPA.

**Palavras-chave:** Elementos Transponíveis; Diversidade Genética; Aves.