



ANÁLISE COMPARATIVA DO VIÉS NO USO PREFERENCIAL DE CÓDONS SINÔNIMOS EM GENOMAS MITOCONDRIAIS DE *Drosophilidae* (Diptera, Insecta)

STREHLOW, Luana Berro¹; BESSA, Maiara Hartwig²; CARVALHO, Tuane Letícia²; CORDEIRO, Juliana³; ROBE, Lizandra Jaqueline²

¹Licenciatura Plena em Ciências Biológicas. Universidade Federal de Santa Maria. luana.strehlow@acad.ufsm.br.

²Departamento de Ecologia e Evolução, Universidade Federal de Santa Maria.

³Departamento de Ecologia, Zoologia e Genética, Universidade Federal de Pelotas.

Drosophila constitui o gênero mais diverso da família *Drosophilidae* e encontra-se subdividido em cinco linhagens principais: *Drosophila* (*Sophophora*), *Drosophila* (*Drosophila*), *Drosophila* (*Siphlodora*), drosofilídeos hawaianos + *Scaptomya* e grupo genérico *Zygothrica*. Análises envolvendo mitogenomas têm se revelado úteis na compreensão destas relações, devido a características, como: tamanho, composição e organização tipicamente conservadas. Neste estudo, comparamos o genoma mitocondrial de 58 espécies de *Drosophilidae*, visando analisar as similaridades e diferenças no uso relativo de códons sinônimos (RSCU) em uma perspectiva filogenética. Os mitogenomas foram isolados e anotados no programa MitoS 2 e as matrizes dos genes codificadores de proteínas foram construídas e alinhadas no Mega 7, com o algoritmo Clustal W. A matriz concatenada contendo os 13 genes codificadores de proteínas foi construída no programa FasConCat e utilizada para o cálculo do RSCU no R, utilizando o pacote RSCUcaller. Estes dados foram empregados em uma análise de componentes principais (PCA), reconstrução de um dendrograma e um heatmap. De modo geral, cerca de 75% das sequências dos genes codificadores de proteínas são compostas de A+T, chegando a mais de 90% na terceira posição do códon. Em concordância com esse padrão, o RSCU mostrou códons terminados em A e em T como os mais utilizados entre as espécies. Na PCA, os eixos 1 e 2 explicaram 47,3% e 8% da variação, respectivamente, e os códons GCT (Ala), GGA (Gly), CGA (Arg) e GGG (Gly) apresentaram maior contribuição na dispersão dos pontos. Tanto o dendrograma de códons quanto o de espécies foram subdivididos em dois clados principais. No dendrograma de códons, o primeiro clado foi composto pelos códons mais utilizados do que o esperado ao acaso, ou seja, aqueles terminados em A ou T, o segundo clado agrupou códons menos empregados do que o esperado ao acaso, ou seja, aqueles terminados em C e G. No dendrograma de espécies, a subdivisão ficou distinta da filogenia das espécies, separando até mesmo espécies irmãs, como *Z. vittimaculosa* e *Z. vittimaculosa* morfotipo I, e *D. bromeliae* e *D. bromelioides*. Nossos resultados evidenciam grande variabilidade no uso preferencial de códons sinônimos nos genomas mitocondriais de *Drosophilidae*, sugerindo forte influência de mecanismos evolutivos neutros na determinação do uso de códons. Alternativamente, durante o processo de especiação, mudanças na frequência de tRNAs isoacceptores podem influenciar a preferência por códons específicos.

PALAVRAS-CHAVE: Filogenética; *Drosophila*; Evolução molecular; Mitogenomas.

AGRADECIMENTO

Agradeço ao programa PIBIC - Cnpq pelo financiamento deste trabalho.