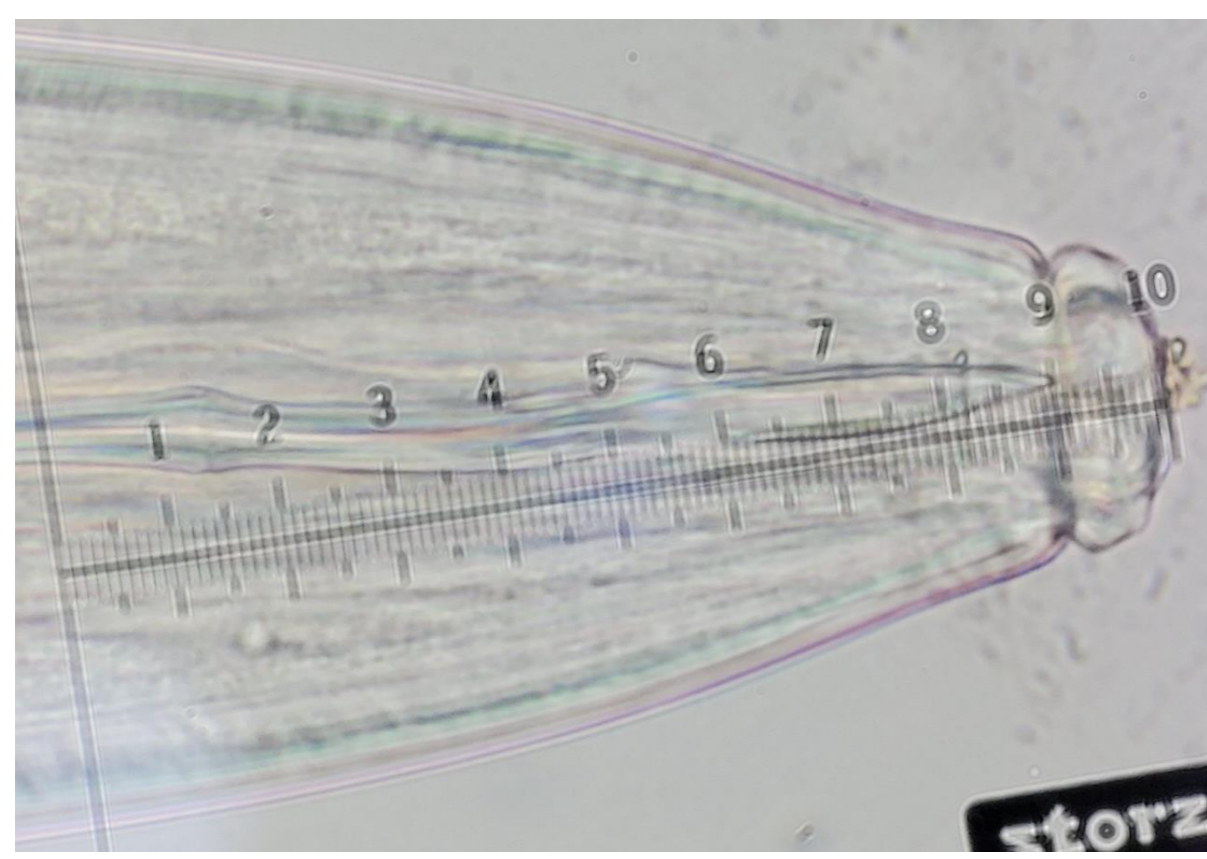


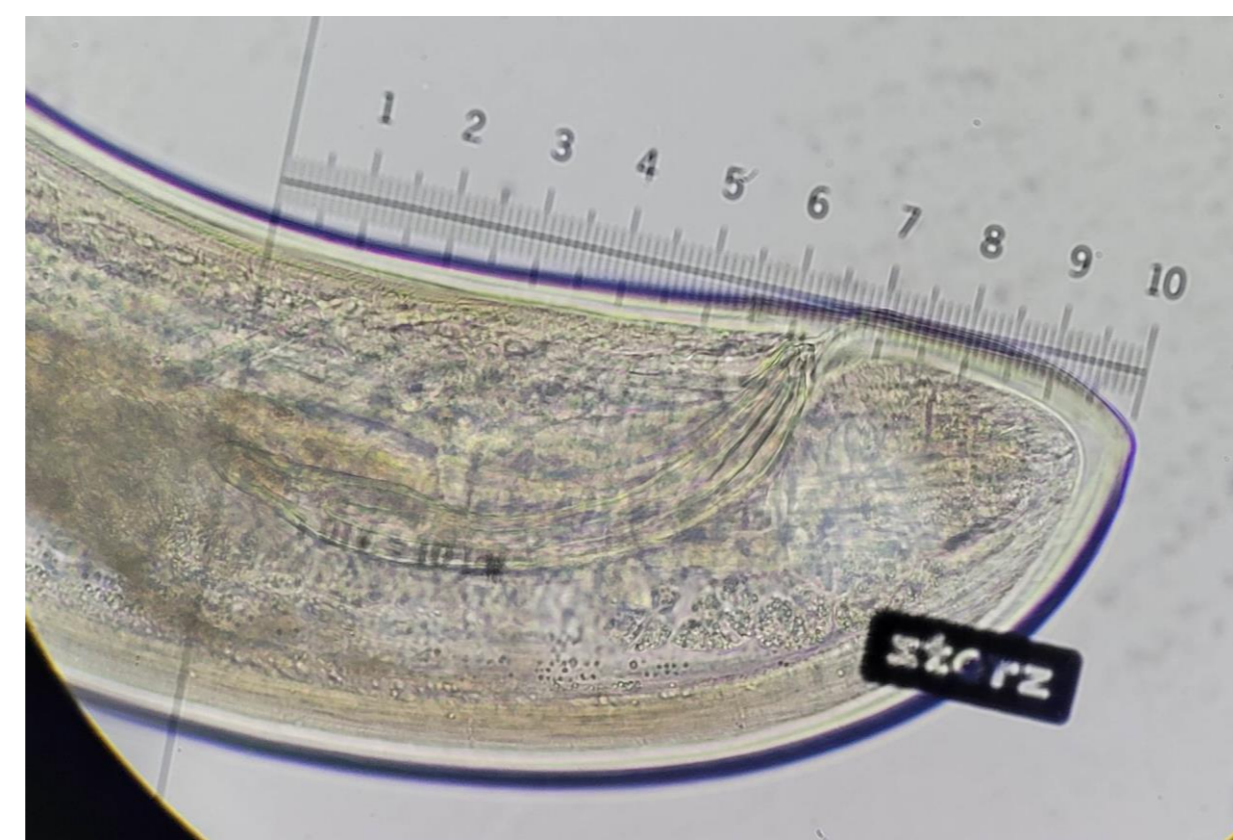
## INTRODUÇÃO

O estudo dos DNAs repetitivos tem contribuído para o avanço no conhecimento da evolução e organização genômicas de diversos organismos, tal como dos nematoides. Apesar do número de genomas de nematoides sequenciados, diante da quantidade de espécies do Filo Nematoda, a representatividade ainda é baixa.

Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi sequenciar, organizar e anotar seqüências de DNAs repetitivos no genoma de *Tubixaba tuxaua*.



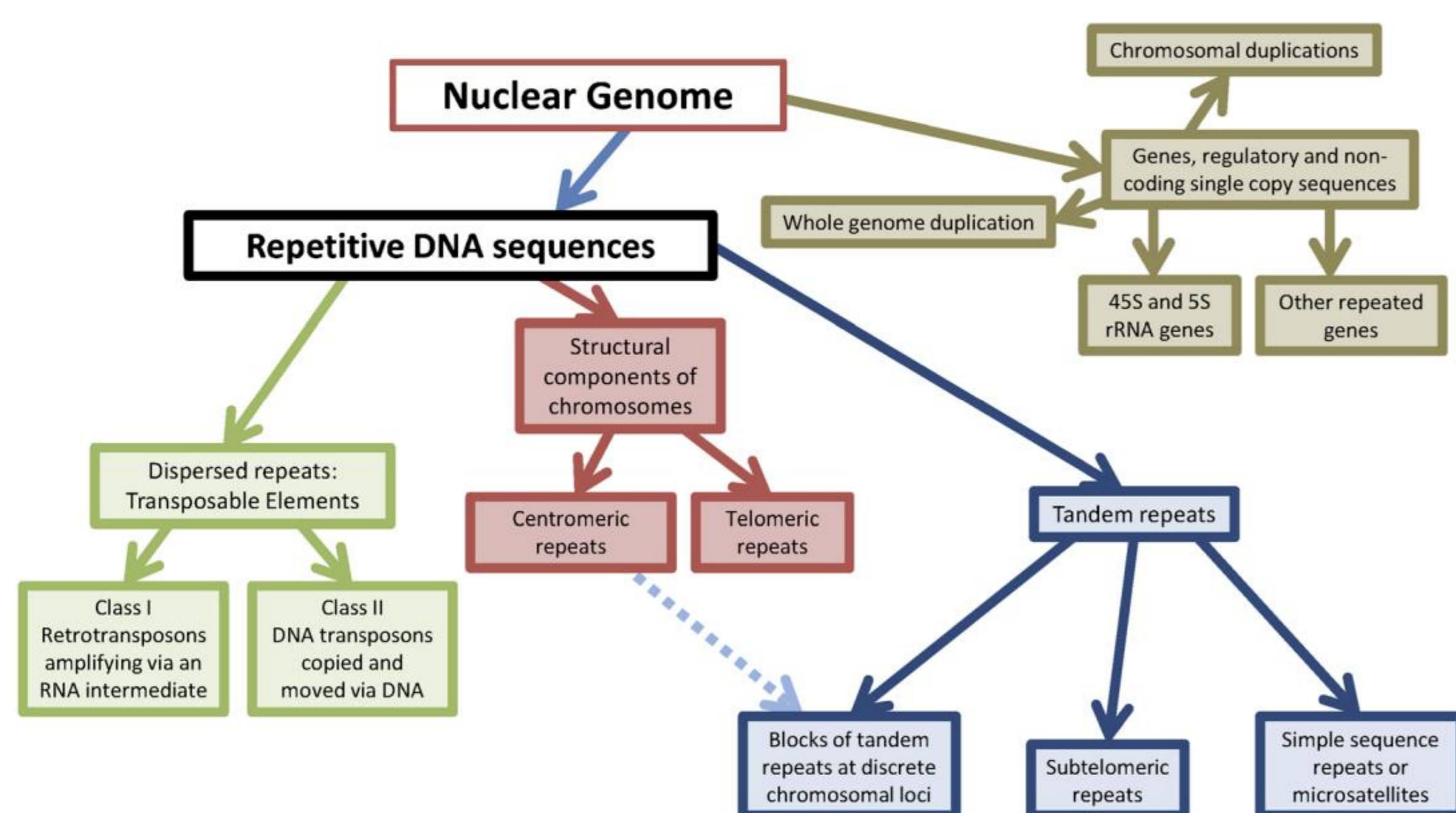
Região anterior de fêmea de *Tubixaba tuxaua*



Região posterior de macho de *Tubixaba tuxaua*

## METODOLOGIA

O DNA total foi extraído de um pool composto por 100 espécimes e submetido ao sequenciamento NextSeq 2x100pb, com cobertura de 10 milhões de clusters. As reads originais foram verificadas quanto à qualidade pelo software FastQC v.0.11.9 e trimadas com Trimmomatic v.0.39. A identificação e caracterização dos elementos repetitivos por agrupamento baseado em similaridade foi realizada com o RepeatExplorer2 pipeline e a implementação foi realizada no servidor Galaxy. O pipeline RepeatExplorer2 fornece anotação automatizada de elementos transponíveis (TEs) e identificação de repetições em tandem, além da proporção genômica de cada cluster de elementos repetitivos, calculada como a porcentagem de reads.



Principais divisões de seqüências repetitivas de DNA no genoma eucariótico. Seqüências repetitivas dispersas podem estar espalhadas pelo genoma, localizadas em amplas regiões de um ou mais cromossomos. As repetições em tandem tendem a estar localizadas em blocos em um ou mais locais nos cromossomos. Extraído de: DOI 10.1007/s10577-015-9499-z

## RESULTADOS E CONCLUSÕES

Foram observadas um total de 8.378.384 reads e 41% GC na composição do genoma sequenciado. As reads obtidas apresentaram alta qualidade de acordo com PHRED (q-score) >30. As proporções obtidas foram: 7,09% DNA repetitivo não classificado (evidência conflitante), 24,65% Satélite, 0,74% LTR, 0,16% Ty3\_gypsy, 0,03% Bel-Pao, 0,97% Maverick, 0,09% Helitron, 1,81% mitocôndria, 12,02% Não classificado (sem evidência).

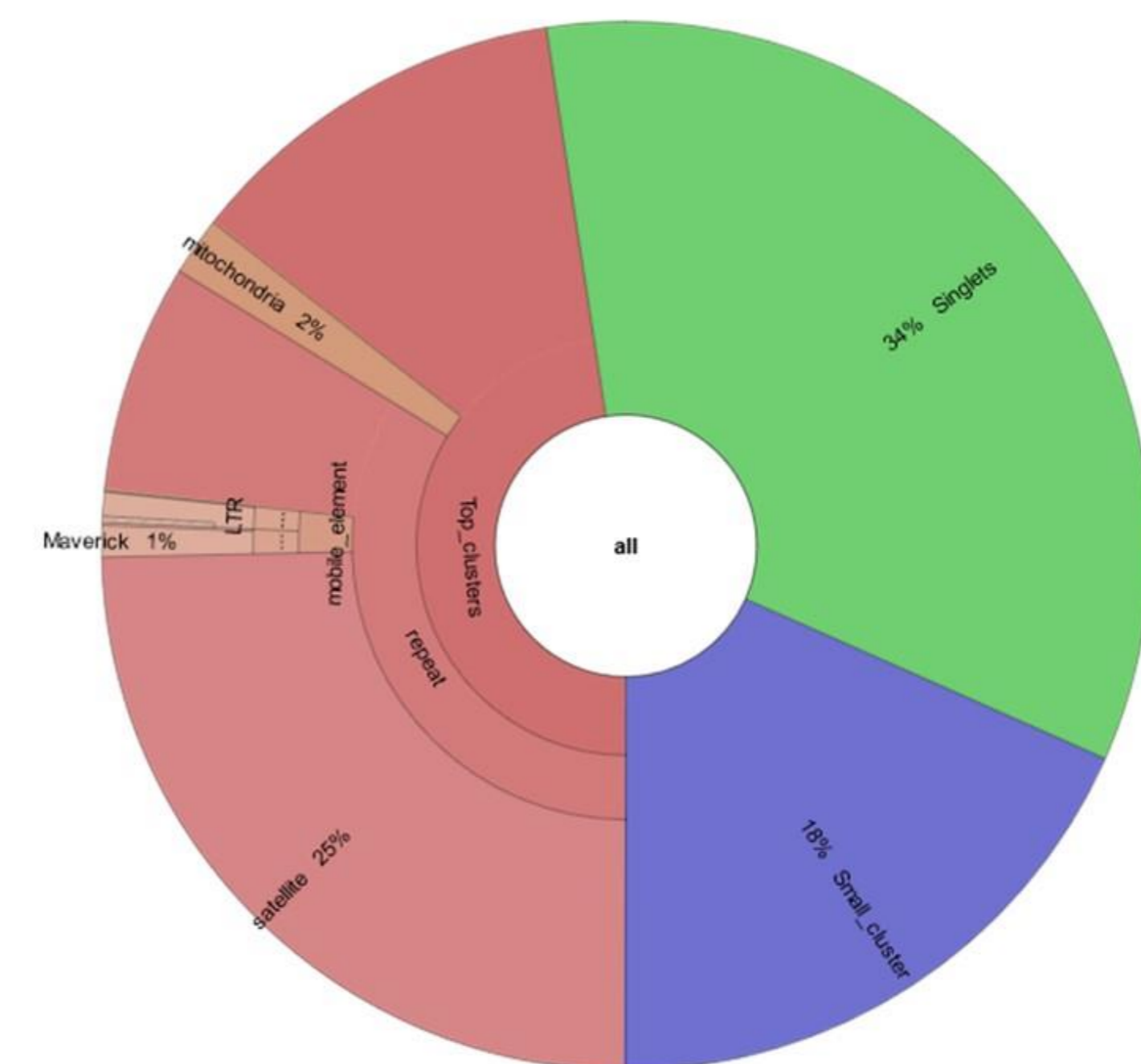


Figura 1. Gráfico do genoma de *Tubixaba tuxaua* em relação à proporção e identidade de seqüências de DNA repetitivo em relação ao genoma total.

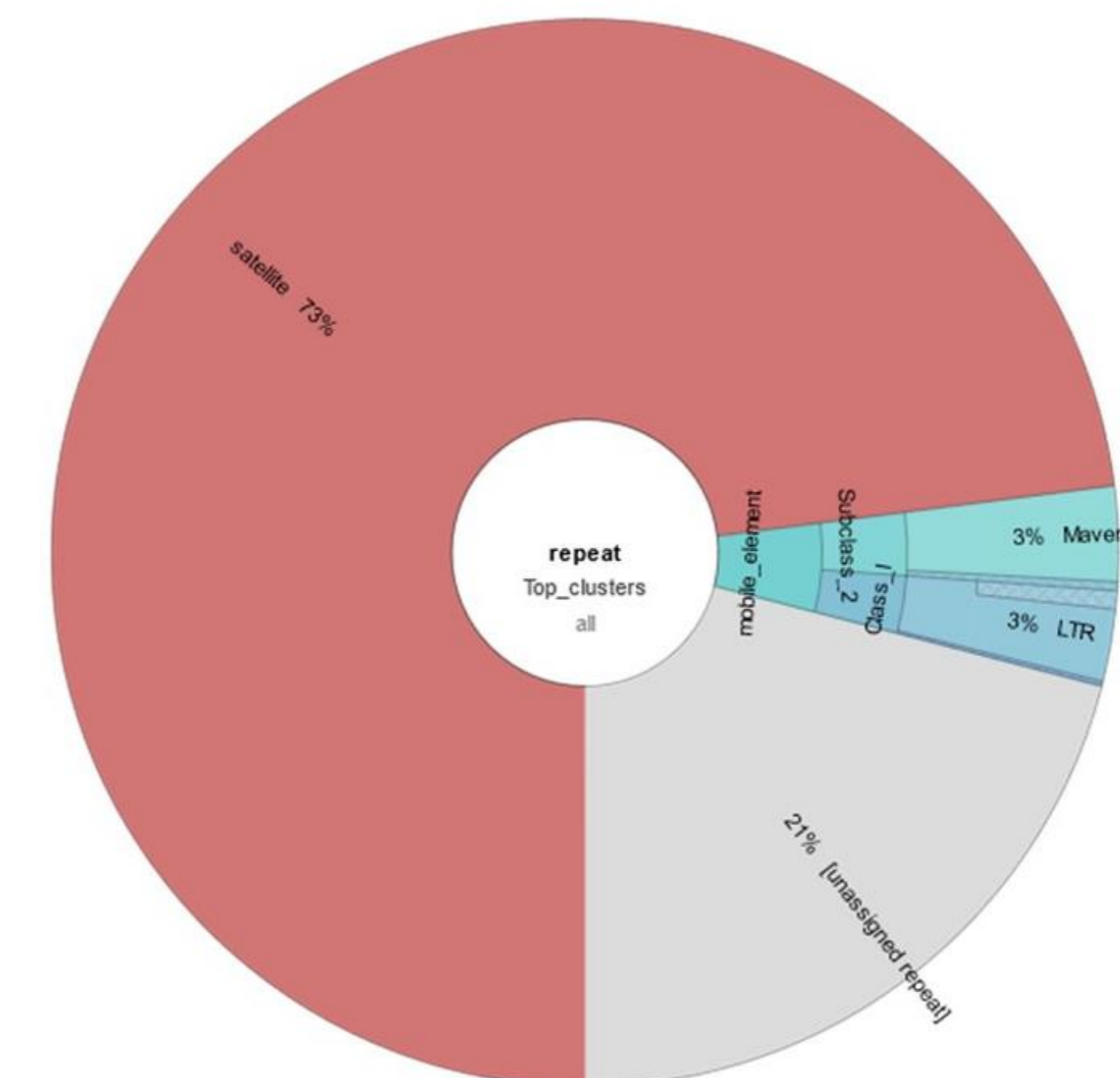


Figura 2. Gráfico da composição das seqüências de DNA repetitivo de *Tubixaba tuxaua*. Caracterização do repitoma, classes, subclasses e famílias de elementos móveis e DNA satélite.

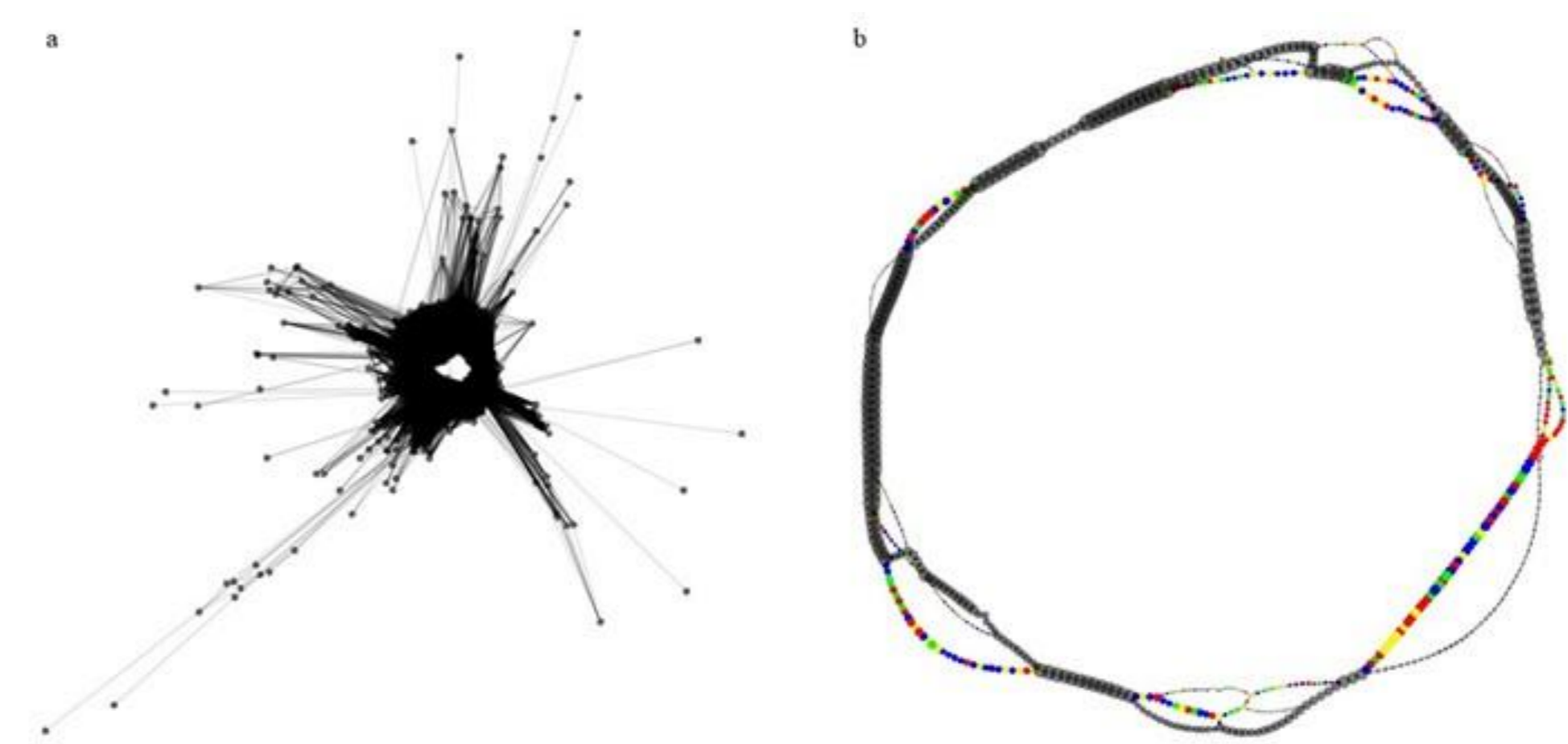


Figura 3. Layout do gráfico (a) e gráfico baseado em k-mer (b) do satélite putativo usado para sondar e projetar primer para Hibridização Fluorescente In Situ (FISH) de *Tubixaba tuxaua*.

Os resultados obtidos corroboram resultados para outras espécies e podem ser usados para estudos de análise evolutiva do genoma e estudos de organização cromossômica.

## AGRADECIMENTOS

