

ANÁLISE FILOGENÉTICA DO *Trypanosoma rangeli* UTILIZANDO TRANSCITOS DE GENES METABÓLICOS

CORDEIRO, Tatiana Milani Lais¹; WAGNER, Glauber¹*

¹Laboratório de Doenças Infecciosas e Parasitárias, Curso de Ciências Biológicas, Unoesc

A análise filogenética a partir de marcadores moleculares é amplamente empregada para demonstrar as relações evolutivas entre determinados organismos. Contudo, a escolha do marcador deve ser realizada com bastante critério, pois o uso de diferentes marcadores pode resultar em topologias de grupos bastante discrepantes da realidade biológica dos grupos. Em tripanosomatídeos, vários genes ou marcadores já foram empregados para estabelecer as relações evolutivas entre os organismos desse grupo. Em especial para o *Trypanosoma rangeli*, várias análises com marcadores já foram realizadas, como 18S rRNA, beta tubulin, cysteina protease e Glucose-6-phosphate Isomerase (GPI), porém, alguns destes demonstrando uma correlação taxonômica mais próxima ao *T. cruzi* e outros, ao *T. brucei*. Além disso, essas análises sempre utilizaram esses marcadores de maneira isolada; contudo, a utilização de vários marcadores filogenéticos concatenados tem se mostrado como uma estratégia de avaliação filogenética mais precisa e confiável, incluindo genes metabólicos. Assim, este estudo teve como objetivo principal revisar a posição taxonômica do *T. rangeli* partindo da filogenia de genes metabólicos concatenados. Para isso, foram selecionados 328 transcritos de genes metabólicos de *T. rangeli* depositados no programa Stingray (*System for Integrated Genomic Resources and Analysis*). Utilizando essas sequências, foi realizada a análise de similaridade com os genomas de espécies de *Trypanosoma* e *Leishmania* depositadas no GeneDB. Com base nessa análise, foram selecionados apenas oito marcadores comuns a todas as espécies para a reconstrução filogenética. Em seguida, os marcadores (sequências nucleotídicas e proteínas) de cada espécie foram concatenados, o alinhamento múltiplo foi realizado utilizando o programa ClustalW e os marcadores foram submetidos ao programa MEGA 5. Para as reconstruções filogenéticas foram utilizados os métodos JC (Jukes-Cantor), distância de Kimura 2-parâmetros e distância p, com o algoritmo de reconstrução da árvore NJ (*neighbor-joining*) e *bootstrap* 1000. A partir da reconstrução filogenética utilizando o método da distância p, foi possível observar a formação de um clado contendo o *T. cruzi* e o *T. rangeli* (Secção Salivaria) e excluindo o *T. rangeli* da Secção Stercoraria, formada pelo *T. brucei* e pelo *T. congolense*, com valores de *bootstraps* maiores daqueles obtidos quando utilizados os marcadores de forma isolada. Com base nesses resultados, pode-se concluir que a utilização dos marcadores de forma concatenada demonstrou uma estratégia válida para a resolução de filogenias complexas e duvidosas. Bem como demonstrou maior correlação evolutiva entre o *T. rangeli* e o *T. cruzi*.

Palavras-chave: Filogenia. *Trypanosoma rangeli*. Bioinformática.