

**ELAINE SILVA DIAS**

PROPOSIÇÃO DOS MODELOS DE EXPANSÃO GENÔMICA DOS  
ELEMENTOS DE TRANSPOSIÇÃO *412* E *BARI* NO GENOMA DE  
ESPÉCIES DO GRUPO *MELANOGASTER* E EM POPULAÇÕES NATURAIS  
DE *DROSOPHILA MELANOGASTER* E DE *D. SIMULANS*

**Dissertação apresentada para  
obtenção do Título de Mestre  
em Genética.**

Elaine Silva Dias

Proposição dos modelos de expansão genômica dos elementos de transposição *412* e *Bari* no genoma de espécies do grupo *melanogaster* e em populações naturais de *Drosophila melanogaster* e de *D. simulans*

Dissertação apresentada como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Genética, junto ao Programa de Pós-Graduação em Genética, do Instituto de Biociências, Letras e Ciências Exatas da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Campus de São José do Rio Preto.

Orientador: Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. Claudia Marcia Aparecida Carareto

São José do Rio Preto  
2011

Dias, Elaine Silva.

Proposição dos modelos de expansão genômica dos elementos de transposição *412* e *Bari* no genoma de espécies do grupo *melanogaster* e em populações naturais de *Drosophila melanogaster* e de *D. simulans* / Elaine Silva Dias. - São José do Rio Preto : [s.n.], 2011.

128 f. : il. ; 30 cm.

Orientador: Cláudia Marcia Aparecida Carareto  
Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Instituto de Biociências, Letras e Ciências Exatas

1. Genética. 2. Genômica. 3. Evolução molecular. 4. Drosophila. I. Carareto, Cláudia Marcia Aparecida. II. Universidade Estadual Paulista, Instituto de Biociências, Letras e Ciências Exatas. III. Título.

CDU – 575.852

Elaine Silva Dias

Proposição dos modelos de expansão genômica dos elementos de transposição 412 e *Bari* no genoma de espécies do grupo *melanogaster* e em populações naturais de *Drosophila melanogaster* e de *D. simulans*

Dissertação apresentada como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Genética, junto ao Programa de Pós-Graduação em Genética, do Instituto de Biociências, Letras e Ciências Exatas da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Campus de São José do Rio Preto.

Banca Examinadora

Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. Claudia Marcia Aparecida Carareto  
UNESP – São José do Rio Preto  
Orientador

Prof. Dra. Cristina Vieira  
Universidade Lyon 1

Prof. Dr. Douglas Silva Domingues  
IAPAR – Instituto Agrônômico do Paraná

São José do Rio Preto  
15/fevereiro/2011

Este trabalho foi realizado no Laboratório de Evolução Molecular do Departamento de Biologia do Instituto de Biociências, Letras e Ciências Exatas - Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, com bolsa de Mestrado da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) e auxílio financeiro da FAPESP e da Fundação para o Desenvolvimento da Unesp (FUNDUNESP).

*Dedico esse trabalho à minha “vó” Rosa (in memoriam)... o que quer que eu escreva aqui será pouco para agradecer o amor e a confiança que sempre teve por mim... e para expressar a saudade que eu sinto da senhora.*

## AGRADECIMENTOS

*Quando uma etapa se encerra, junto com os sentimentos de felicidade e de dever cumprido, vem à memória as pessoas que possibilitaram a realização da mesma e as que contribuíram, direta ou indiretamente, com essa realização. Contudo, agradecer, agora, torna-se uma tarefa árdua para que se faça justiça ao lembrar-se de todos. Antecipadamente peço desculpas àqueles que certamente serão esquecidos ou, em minha defesa, àqueles que foram “esquecidos” pelo espaço limitado no qual escrevo. Afinal, a Elaine que trabalhou para a realização dessa etapa é resultado de uma somatória das experiências vividas com essas pessoas, as quais, muitas, omitirei.*

Agradeço à **Profa. Dra. Claudia Marcia Aparecida Carareto**, mais que orientadora e exemplo de ética, foi minha parceira nessa jornada, me entendendo, me aceitando e, acima de tudo, me ensinando.

Aos meus colegas e amigos do Laboratório de Evolução Molecular, **Adriana, Ana Luiza, Elias, Fabrício, Leliane, Lilian e Marcela**, que estiveram ao meu lado nos primeiros passos e nos últimos tombos. **Lilian**, obrigada pela praticidade e disposição; **Leliane**, pelo otimismo e bondade; **Adriana**, pela presença (sempre) e por me ensinar, minuciosamente e cuidadosamente, diversas técnicas; **Nathalia de Setta**, pelos conselhos e por me ensinar e me incentivar a “me virar” dentro de um laboratório de biologia molecular. Obrigado, a todos que estão, estiveram ou passaram, mesmo que por apenas alguns dias, no laboratório, pela convivência, pelo aprendizado e pelos sorrisos.

Aos meus parceiros e amigos de graduação, foram quatro anos de crescimento e de aprendizado, quatro anos de sonhos e de realizações. **Bianca, Esther, Juliana e Paulo**, obrigado pelo carinho.

Aos tantos **amigos** que ao longo desses seis anos da minha vida acadêmica foram somando-se em minha vida.

Agradeço em especial aos meus amigos do Cursinho VestJr, projeto que durante quatro anos foi uma fonte inesgotável de aprendizado e de felicidade. Aos meus coordenadores nesse projeto, **Prof. Dr. Carlos Roberto Ceron** e **Prof. Dr. Vanildo Luiz Del Bianchi**, obrigada pela confiança. À “**minha equipe**” pessoas com as quais tive o prazer de trabalhar, em especial, à **Anna Isabel**, meu braço direito (e esquerdo) e amiga de todas as horas. Por fim, nesse grupo, a todos os meus **alunos** que me fizeram feliz mais do que suponham e me ensinaram muito mais do que imaginam... vocês, com certeza, me fizeram uma pessoa melhor.

Agradeço também à **Profa. Dra. Lilian Madi-Ravazzi** por um dia, durante meu segundo ano de faculdade, ter me falado da Profa. Claudia Carareto em uma conversa informal, a senhora colocou no meu caminho uma grande mestre. Obrigada, também, por disponibilizar algumas linhagens utilizadas neste trabalho.

Ao **Prof. Dr. Fernando Barbosa Noll** pelo apoio e ajuda quando a incerteza e a tristeza se achegaram durante minha vida acadêmica.

À **Profa. Dra. Claudia Rohde** pela linhagem de *D. simulans* do Estado de Pernambuco.

A todos, absolutamente todos, os **funcionários** deste instituto que sempre me ajudaram e tornaram meu dia aqui melhor. Aos **docentes** e aos **funcionários** do Programa de Pós Graduação em Genética.

Aos meus **amigos** (aqui definitivamente não citarei nomes) que ao longo da minha existência me estruturaram e me mantiveram de pé.

*Amigos*

*[...] Se um deles morrer, eu ficarei torto para um lado.  
Se todos eles morrerem, eu desabo! [...]*

*Vinicius de Moraes – Poeta.*

Às minhas irmãs de alma, **Alessandra e Claudia**, obrigada por escolherem partilhar essa jornada ao meu lado. Lê, obrigada por partilhar comigo sua família também.

Às minhas **primas** de Guarulhos com as quais cresci durante minha infância, em altura, e, continuo crescendo, durante todo o tempo, como pessoa.

Agradeço imensamente à minha irmã, **Juliana**, que é pra mim um exemplo de otimismo, de alegria e de força. Jú, obrigada por estar ao meu lado... sempre (e desde sempre). Mesmo sem entender, exatamente, até hoje, o que é um elemento de transposição. Obrigada também por me ajudar a corrigir os meus erros, em todos os sentidos. Aproveito para agradecer ao **Wallace**, “W” obrigada pelo incentivo e pelas palavras de apoio durante esses, quase, 10 anos.

Aos meus pais, **Dora e Gilberto**, por serem pra mim um exemplo de caráter. Vocês são os grandes responsáveis por conseguir realizar meus sonhos, pois vocês me ensinaram a sonhar e a batalhar para tornar real os sonhos. Obrigado por fazerem dos estudos meu caminho e não meu destino.

Por fim, a **Deus** por me dar o direito de escolha... espero ter mais acertado do que errado até aqui.

*Sonho?  
Lute para realizá-lo,  
e agonize para fazê-lo,  
e defina fazendo-o*

*Eric R. Kandel – Em Busca da Memória (2009)  
Nobel em Fisiologia ou Medicina em 2000*

## RESUMO

Três modelos têm sido propostos para explicar o modo de expansão dos elementos de transposição nos genomas – *master gene*, *transposon* e *intermediário*. O modelo *master gene* aplica-se à situação em que existe apenas uma única sequência ativa, de uma subfamília particular, que dá origem às demais sequências, as quais não apresentam capacidade de mobilização, enquanto o modelo *transposon* assume que todas as sequências de uma subfamília são ativas. Por outro lado, o modelo *intermediário*, considera que algumas cópias apresentam capacidade de mobilização e outras permanecem inativas. Os modelos propostos podem ser relacionados aos mecanismos de transposição, *copy-and-paste* e *cut-and-paste*, característicos das classes de elementos transponíveis I e II, respectivamente. Contudo, os estudos de dispersão intragenômica se concentram em elementos da classe I sem LTRs. Com o objetivo de ampliar o entendimento da dinâmica de dispersão genômica dos elementos de transposição e buscando verificar se os modelos propostos para a dispersão dos retroposons ajustam-se aos transposons e aos retrotransposons, foram analisados o transposon *Bari* e o retrotransposon *412* no genoma das espécies do grupo *melanogaster* de *Drosophila* e em populações naturais de *D. melanogaster* e *D. simulans*. Assim, buscas por sequência similares a ambos os elementos selecionados foram realizadas nos genomas sequenciados de seis espécies do grupo *melanogaster*; bem como, foram amplificadas, clonadas e sequenciadas cópias presentes nas populações naturais de ambas as espécies. Foram reconstruídas as relações evolutivas entre as sequências dos genomas, como também entre aquelas das populações naturais por meio do programa Network, utilizando o algoritmo Median Joining. Nossos resultados indicam a ausência de um modelo único de dispersão para ambos os elementos, *Bari* e *412*, nas diferentes espécies analisadas, bem como, nas populações das duas espécies. Para os dois elementos, foram encontradas relações evolutivas que se ajustam aos três modelos de dispersão. Adicionalmente, eventos como introgressão, explosões de transposição e polimorfismo ancestral também foram sugeridos a partir dos dados encontrados. Também relevante foi a identificação em *D. sechellia* de um pequeno elemento não autônomo, *MITE-like*, provavelmente, relacionado ao transposon *Bari*.

**PALAVRAS-CHAVE:** dispersão genômica; transposon *Bari*; retrotransposon *412*; grupo *melanogaster*.

## ABSTRACT

Three models have been proposed to explain the expansion of transposable elements within genomes - *master gene*, *transposon* and *intermediate*. The *master gene* model applies to situations in which there is only one active sequence of a particular subfamily, which gives rise to other sequences which have no capacity for mobilization, while the *transposon* model assumes that all sequences of a subfamily are active. On the other hand, the *intermediate* model considers that some copies have the capacity for mobilization and others remain inactive. The proposed models can be related to mechanisms of transposition, *copy-and-paste* and *cut-and-paste*, characteristic of class I and II of transposable elements, respectively. However, studies of intragenomic dispersion concentrate on elements of the class I without LTRs. Aiming at enhancing the understanding of the transposable elements genomic dynamics of dispersion and trying to verify whether the proposed models for dispersion of retrotransposons fit to transposons and retrotransposons, we analyzed the retrotransposon *412* and *Bari* transposon in the genome of the species *melanogaster* group of *Drosophila* and in natural populations of *D. melanogaster* and *D. simulans*. Thus, searches for sequences similar to both elements were done in the sequenced genomes of six species of the *melanogaster* group; as well as copies present in natural populations of both species were amplified, cloned and sequenced. We reconstructed the evolutionary relationships between the sequences of the genomes, as well as those amplified from samples of wild populations through the Network program, using the Median Joining algorithm. Our results indicate the absence of a single model of dispersion for both transposable elements, *Bari* and *412*, in the different species analyzed, as well as in the populations of both species. For both elements, were found evolutionary relationships that fit the three models of dispersion. Additionally, events such as introgression, bursts of transposition and ancestral polymorphism were also suggested from the data. Furthermore, a relevant result was the identification in *D. sechellia* of a small of non-autonomous element MITE-like, probably related to the *Bari* transposon.

**KEY WORDS:** genomic dispersion; transposon *Bari*; retrotransposon *412*; *melanogaster* species group.

## SUMÁRIO

|            |  |    |
|------------|--|----|
| <b>1</b>   | <b>INTRODUÇÃO</b> .....                  | 12 |
| <b>2</b>   | <b>OBJETIVO GERAL</b> .....              | 19 |
| <b>3</b>   | <b>OBJETIVOS ESPECÍFICOS</b> .....       | 19 |
| <b>4</b>   | <b>MATERIAL E MÉTODOS</b> .....          | 21 |
| 4.1        | ANOTAÇÃO DAS SEQUÊNCIAS GENÔMICAS .....  | 21 |
| 4.2        | ANÁLISES POPULACIONAIS .....             | 22 |
| 4.3        | ANÁLISES EVOLUTIVAS .....                | 24 |
| <b>5</b>   | <b>RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....      | 26 |
| <b>5.1</b> | <b>TRANSPOSON <i>BARI</i></b> .....      | 26 |
| 5.1.1      | ANÁLISE <i>IN SILICO</i> .....           | 26 |
| 5.1.2      | ANÁLISE POPULACIONAL .....               | 34 |
| <b>5.2</b> | <b>RETROTRANSPOSON <i>412</i></b> .....  | 41 |
| 5.2.1      | ANÁLISE <i>IN SILICO</i> .....           | 41 |
| 5.2.2      | ANÁLISE POPULACIONAL .....               | 48 |
| <b>5.3</b> | <b>MITES EM <i>D. SEHELLIA</i></b> ..... | 54 |
| <b>6</b>   | <b>DISCUSSÃO GERAL</b> .....             | 60 |
| <b>7</b>   | <b>CONCLUSÕES</b> .....                  | 65 |
|            | <b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....  | 67 |
|            | <b>APÊNDICES</b> .....                   | 74 |



## 1 INTRODUÇÃO

O ciclo evolutivo dos elementos de transposição, de modo geral, envolve três etapas: origem, proliferação e inativação. A origem de um elemento em um genoma pode ocorrer por, ao menos, três mecanismos distintos: *de novo*, por recombinação entre elementos; transferência horizontal, por meio de um vetor; e por introgressão, decorrente da hibridação entre espécies, portadora e não portadora de um elemento particular. Por outro lado, processos de inativação, envolvendo mecanismos pré e pós-transcricionais, e de deterioração, resultam na perda de mobilidade e, posteriormente, na degradação estrutural, da sequência móvel no genoma (ALMEIDA; CARARETO, 2005). Entre as fases de origem e de inativação, ocorre a etapa de proliferação; nesta, os elementos da classe I (retrotransposons) e classe II (transposons) apresentam dinâmicas distintas, de acordo com seus mecanismos de mobilização que envolvem ou não a presença de um RNA intermediário (FINNEGAN, 1989).

Os elementos que se movem via RNA (Classe I) são divididos em duas subclasses, de acordo com a presença ou ausência das LTRs (do Inglês, *Long Terminal Repeats*): os retrotransposons com LTRs e os LINEs (do Inglês, *Long Interspersed Elements*), ou retrotransposons sem LTRs. Esses elementos transcrevem reversamente a molécula de RNA para sua mobilização, utilizando, assim, o mecanismo de *copy-and-paste*. Já, os elementos de Classe II, os transposons, se movem via DNA, e são divididos em três subclasses, de acordo com o mecanismo de clivagem do DNA: os que clivam a fita dupla do DNA e reinserem-na em outro local do genoma, o mecanismo *cut-and-paste*; os que se movem pelo mecanismo *rolling-circle*, característico dos *Helitrons*, a partir do deslocamento da fita simples de DNA formando um *loop*, com posterior clivagem e reintegração no genoma; e os que se replicam a partir da fita simples de DNA durante a duplicação, comum aos *Mavericks*. Em cada classe, os elementos de transposição podem ser, ainda, agrupados em subclasses, e em superfamílias e famílias. As superfamílias são caracterizadas de acordo com a organização protéica ou domínios não codificantes, bem como, outras características estruturais como a presença ou ausência e o tamanho dos TSDs (do Inglês, *Targets Site Duplication*). As famílias, por sua vez, são definidas pela conservação na sequência de DNA de porções de regiões codificantes, e as subfamílias, com base em dados filogenéticos, agrupando sequências com ao menos 75% de similaridade (WICKER et al., 2007; JURKA et al., 2007).

Os elementos de transposição estão presentes em todos os organismos e, elementos de ambas as classes, I e II, frequentemente são encontrados compartilhando o

mesmo genoma. A habilidade de dispersão no genoma, por sua vez, é relacionada ao mecanismo de transposição que, como visto, varia entre os elementos.

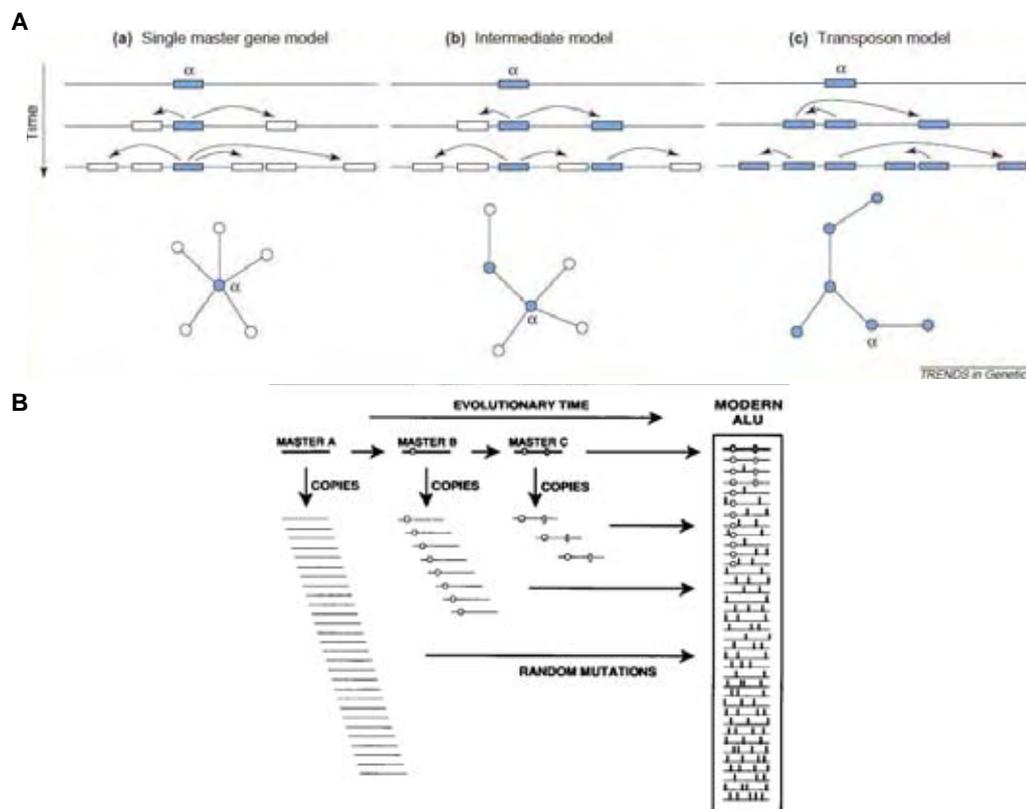
No mecanismo *cut-and-paste*, característico dos transposons, o elemento pode, apenas, sofrer mobilização sem resultar em aumento no número de cópias (transposição conservativa). Adicionalmente, o elemento excisado nem sempre é reinserido no genoma, o que pode levar à perda da cópia. Entretanto, a mobilização pode resultar em um aumento no número de cópias dos transposons (transposição replicativa) em duas situações distintas. A primeira, durante a replicação do cromossomo, quando a sequência se mobiliza de uma cromátide já sintetizada para um local ainda não replicado. E o segundo, quando o *gap* originado pela mobilização de uma cópia é “reconstruído” pela maquinaria de reparo de DNA do genoma hospedeiro, seja a partir do cromossomo homólogo que também possui o transposon, por recombinação de homólogos, seja, durante a fase S do ciclo celular, a partir da cromátide irmã (FESCHOTTE; PRITHAM, 2007).

Por outro lado, os retrotransposons, que se movem via *copy-and-paste*, geram um grande número de moléculas de RNAs que, quando transcritas reversamente podem representar uma nova cópia em potencial. Contudo, o processo de transcrição reversa pode resultar em erros que podem levar à degradação do RNAm ou à origem de cópias não funcionais, como ocorre com os retrotransposons sem LTRs. Assim, na maioria das vezes, a mobilização dos elementos de Classe I gera novas cópias no genoma, enquanto que a dos de Classe II, apenas em eventos raros, levam ao surgimento de uma nova cópia (HUA-VAN et al., 2005).

Os retroposons, ou retrotransposons sem LTRs, geram cópias *dead-on-arrival* (do Inglês, mortas na chegada) devido à perda de porções da região 5' do elemento durante o processo de transcrição reversa. A porção 3' da sequência de DNA do elemento, que será a extremidade 5' do RNA, será utilizada como *primer* para o processo de transcrição reversa da cópia; contudo, esse processo raramente se estende até a extremidade oposta, levando à perda da extremidade 5' do elemento (MORAN; GILBERT, 2002). Essa perda, geralmente, envolve sequências promotoras ou parte de regiões codificantes necessárias para a posterior transposição (PETROV et al., 1998).

Comparações entre sequências do retroposon *Alu*, um SINE (do Inglês, *Short Interspersed Elements*) presente em grande escala no genoma humano, mostraram a ocorrência de subfamílias desse elemento. As linhagens oriundas das subfamílias teriam sua origem reportada a apenas algumas sequências, as chamadas sequências *master* (BRITTEN et al., 1988). Três modelos foram propostos para explicar a expansão intragenômica dos LINEs:

o *master gene*, o *transposon* e o *intermediário* (MATERA et al., 1990; DEININGER et al., 1992; CORDAUX et al., 2004) (Figura 1A).



**FIGURA 1** – Representação dos modelos de expansão intragenômica e origem de subfamílias de seqüências *Alu*; Os retângulos em azul representam cópias ativas. (A) Adaptado de Cordaux et al. (2004); (B) Adaptado de Deininger et al. (1992).

O modelo *master gene* caracteriza-se pela ocorrência de uma única seqüência que origina todas as inserções, sendo os demais membros da subfamília incapazes de gerarem cópias filhas. As mutações que ocorrerem na seqüências *master* são transmitidas para as filhas, formando assim as subfamílias observadas. A seqüência *master* pode ser substituída consecutivamente à medida que as mutações ocorrem, sendo que a subfamília anterior deixa de se amplificar (Figura 1B).

Eventualmente, as seqüências *master* originam seqüências filhas com capacidade de mobilização, resultando assim, em um modelo *intermediário* de expansão intragenômica. Neste, não apenas a *master*, mas também não todas as cópias apresentam capacidade de gerarem novas seqüências do elemento. Assim, coexistem duas ou mais seqüências *master* se amplificando, independentemente, e originando subfamílias distintas.

Por outro lado, na expansão caracterizada sob o modelo *transposon*, todas ou, ao menos, a maioria das cópias podem gerar sequências filhas, também capazes de se amplificarem no genoma. Sob este modelo, as mutações ocorrem independentemente e a formação de subfamílias é rara, sendo decorrência de evolução paralela.

No modelo *master*, o aumento no número de cópias no genoma depende apenas da taxa de amplificação da sequência *master*, caracterizando-se, portanto, em um crescimento linear em um período de tempo. Por outro lado, a capacidade de gerar novas cópias também com capacidade de mobilização, torna o crescimento, sob o modelo *transposon*, exponencial em um período de tempo (DEININGER et al., 1992).

Os diferentes modelos propostos ilustram a habilidade dos elementos de transposição de se dispersarem no genoma. Na maioria dos casos, a ocorrência de subfamílias ajusta a evolução dessas sequências ao modelo *master* ou ao *intermediário*, contudo esses resultados referem-se, sobretudo, a estudos de retroposons (ou retrotransposon sem LTRs), que são, praticamente, ausentes para os demais tipos de elementos (HARDIES et al., 1986; SLAGEL et al., 1987; SHEN et al., 1991; VANDERGON; REITMAN, 1994; MIGHELL et al., 1997; SHEN et al., 1997; STYLES; BROOKFIELD, 2007; 2009).

Com o objetivo de investigar as relações de ancestralidade/descendência entre sequências do transposon *Bari*, e do retrotransposon *412*, nos genomas sequenciados das espécies do grupo *melanogaster*, e em populações naturais de *D. melanogaster* e *D. simulans*, como também, de verificar se os modelos propostos para a dispersão dos retroposons ajustam-se aos desses elementos de transposição. As populações naturais amostradas correspondem às localidades nas quais estas espécies teriam se originado e, posteriormente, se dispersado, tanto em um tempo mais antigo quanto mais recentemente.

As espécies do grupo *melanogaster* divergiram há cerca de 18 milhões de anos, sendo *D. ananassae* a espécie mais basal (Figura 2). Por volta de 13 e 15 milhões de anos atrás, divergiu na África a linhagem que originou o subgrupo *melanogaster*. Dentro desse, divergiu inicialmente a linhagem que originou o supercomplexo *erecta*, seguindo-se a divergência da linhagem que originou o complexo *yakuba*, que se diferenciou há cerca de 8 milhões de anos, da linhagem evolutiva que originou as espécies do supercomplexo *melanogaster*. Neste, a espécie mais basal, *D. melanogaster*, divergiu entre 2 e 3 milhões de anos e as espécies *D. sechellia*, *D. simulans* e *D. mauritiana*, surgiram recentemente, há não mais que 0,5 milhões de anos (LACHAISE; SILVAIN, 2004).

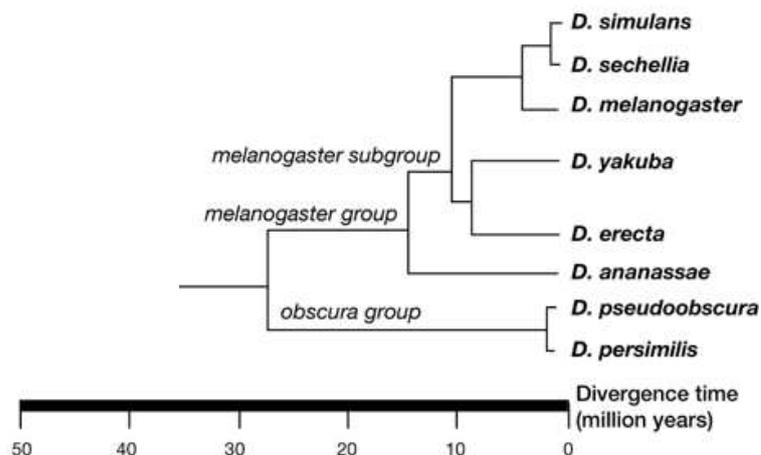


FIGURA 2 – Filogenia das espécies do grupo *melanogaster*. Modificado de <http://rana.lbl.gov/drosophila/>.

*D. melanogaster* divergiu a partir do estoque ocidental da linhagem ancestral do supercomplexo *melanogaster*, enquanto que a linhagem *simulans*-like, da porção oriental, ocorrendo, posteriormente, a dispersão da primeira pela região ocidental da África equatorial e a divergência das espécies do complexo *simulans*, *D. simulans*, *D. sechellia* e *D. mauritiana*, no extremo leste do continente africano e nas ilhas do oceano Índico. Posteriormente, uma das raças formadas de *D. simulans* retornou e se dispersou pelo continente africano, reencontrando populações de *D. melanogaster*. Assim, ambas as espécies viveram em simpatria entre 120 e 9 mil anos atrás, quando eventos paleoclimáticos favoreceram a dispersão de *D. melanogaster* para o Mediterrâneo e, posteriormente, para o mundo (exceto extremos de latitude e de altitude) (LACHAISE et al., 1988). Esse período em simpatria não pode, contudo, ser confundido com a atual simpatria dessas espécies, resultado do recente processo de dispersão. Assim, partindo do continente africano, *D. melanogaster* e *D. simulans*, foram introduzidas em todos os continentes e, atualmente, são abundantes. Acredita-se que *D. melanogaster* tenha sido introduzida na região Neotropical durante o período das grandes navegações, junto com o tráfico de escravos. Quanto a *D. simulans*, não existe uma data precisa de sua introdução na América do Sul, mas provavelmente isso tenha acontecido há alguns séculos.

A origem do transposon *Bari* remonta a um período anterior da divergência dos subgêneros *Sophophora* e *Drosophila* (MOSCHETTI et al., 2008). Por ter sido perdido estocasticamente, o elemento tem distribuição heterogênea no gênero *Drosophila*, não sendo identificado em algumas espécies (MOSCHETTI et al., 1998). O transposon *Bari* pertence à superfamília *Tc1-mariner*, é homólogo e compartilha algumas características estruturais com o elemento *Tc1* de *Caenorhabditis elegans* (CAIZZINI et al., 1993). Esse elemento apresenta

variações estruturais (repetições terminais invertidas longas ou curtas) independentemente nas espécies, que poderiam refletir sua idade evolutiva. Além disso, um número distinto e uma concentração diferente de cópias em regiões heterocromáticas e eucromáticas estão presentes em espécies relacionadas, como *D. melanogaster* e *D. simulans* (CAZZI et al., 1993; CAGGESE et al., 1995; MOSCHETTI et al., 1998; MOSCHETTI et al., 2008).

Dentre os retrotransposons, o elemento *412* possui uma longa história evolutiva na família Drosophilidae, estando presente na maioria das espécies do gênero *Drosophila* (CIZERON et al., 1998). Esse retrotransposon pertence à superfamília *gypsy* caracterizando-se por apresentar as sequências codificantes de proteínas na seguinte ordem: *gag* (proteína do capsídeo), *ap* (proteínase aspártica), *rt* (transcriptase reversa), *rh* (RNase H) e *int* (integrase). Esse elemento destaca-se por apresentar grande variação no número de cópias tanto entre espécies próximas, como *D. melanogaster* e *D. simulans*, quanto entre populações da mesma espécie. Nestas, foi observada uma variação clinal, com maior número de cópias nas populações de menor latitude e, menor, nas de maior latitude (MUGNIER et al., 2005).

---

**OBJETIVOS**

## 2 OBJETIVO GERAL

O objetivo geral deste estudo foi analisar as relações de ancestralidade/descendência entre as sequências dos elementos *Bari* e *412* nas linhagens de espécies do grupo *melanogaster* de *Drosophila* com genomas sequenciados (assumidas aqui como padrão, para comparação) e em linhagens de *D. melanogaster* e de *D. simulans*, derivadas de populações com diferentes tempos de origem (ancestrais: africanas; e invasoras, antigas: européias e indianas, e recentes: brasileiras), visando estabelecer o modelo de expansão genômica desses elementos de transposição.

## 3 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- 1 – Anotar o transposon *Bari* e o retrotransposon *412* no genoma sequenciado de espécies do grupo *melanogaster*;
- 2 – Propor o modelo de expansão genômica dos elementos de transposição anotados para as diferentes espécies estudadas;
- 3 – Amplificar, clonar e sequenciar os elementos de transposição *Bari* e *412* em diferentes populações naturais: ancestrais e invasoras (origem antiga e recente);
- 4 – Comparar o modelo de expansão genômica dos elementos *Bari* e *412* em populações naturais com diferentes tempos de origem e localizações geográficas com o das linhagens genômicas.



## 4 MATERIAL E MÉTODOS

### 4.1 ANOTAÇÃO DAS SEQUÊNCIAS GENÔMICAS

Sequências descritas dos elementos de transposição *Bari\_DM* (X67681 - EMBL) e *DM412* (DM412\_LTR M30371; DM412\_I X04132 - EMBL) foram utilizadas para busca das inserções por meio do programa BLASTn (ALTSCHUL et al., 1990) contra os genomas das espécies do grupo *melanogaster* (*DROSOPHILA* 12 GENOMES CONSORTIUM 2007 – Apêndice A). O genoma de *D. melanogaster* encontra-se no *release* 5, apresentando sequências de alta qualidade e sem a presença de *gaps* (CELNIKER et al., 2002). Nas demais espécies, os genomas encontram-se no primeiro *release* e o nível de cobertura varia, sendo menor em *D. sechellia* (4,93 x) e maior em *D. erecta*, *D. yakuba* e *D. ananassae* (entre 8,43 x e 11,03 x). O genoma de *D. simulans*, por sua vez, constitui um mosaico com sequências oriundas de sete linhagens distintas, uma com maior cobertura (2,93 x) e as demais com menor (1,3 x), em todas, o DNA foi extraído de um *pool* de moscas adultas e/ou de embriões (*DROSOPHILA* 12 GENOMES CONSORTIUM 2007). Adicionalmente, os dados genômicos de melhor qualidade dos genomas correspondem às regiões de eucromatina, pois o método empregado (*shotgun*) não é um método eficiente de sequenciamento de DNA heterocromático, devido à sua instabilidade nos vetores de clonagem (*DROSOPHILA* 12 GENOMES CONSORTIUM 2007).

As sequências depositadas dos elementos de transposição foram descritas em *D. melanogaster* e, por isso, foram utilizadas diretamente para as buscas no genoma dessa espécie. Para os demais genomas, as buscas foram realizadas a partir de sequências referências (cópia de maior tamanho e integridade) obtidas em cada espécie a partir da análise de similaridade (BLASTn - ALTSCHUL et al., 1990) com o elemento descrito, onde, os melhores resultados (maior similaridade e maior tamanho) serviram como parâmetros para a extração dessas regiões. As sequências extraídas foram analisadas e identificadas e a estrutura das sequências referências foi caracterizada para cada elemento: a região da transposase e a das repetições terminais invertidas (TIRs – do Inglês, *Terminal Inverted Repeats*) do transposon *Bari*; e a região da ORF 1 (*gag*) e da ORF 2 (*pol*), assim como, as longas repetições terminais (LTRs - do Inglês, *Long Terminal Repeat*), do retrotransposon *412*. As TIRs e as LTRs foram identificadas por meio do alinhamento das extremidades dos elementos, enquanto que as ORFs foram caracterizadas com o auxílio do programa

ORFFinder (TATUSOV; TATUSOV - disponível em <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gorf/gorf.html>).

A sequência referência de cada espécie foi utilizada para a busca no respectivo genoma. As sequências que apresentaram tamanho maior que 80 pb, similaridade maior que 80% e *score* maior que 225 foram analisadas e alinhadas com o auxílio do programa MUSCLE (EDGAR, 2004 - disponível em <http://www.ebi.ac.uk/Tools/muscle/index.html>), sendo o alinhamento, posteriormente, verificado manualmente. Exceto em *D. melanogaster*, cujo genoma apresenta boa cobertura, nos demais genomas as sequências com 100% de similaridade foram retiradas.

Além das cópias completas, e dos fragmentos dos TEs, foram realizadas buscas nos genomas por sequências correspondentes a MITEs (do Inglês, *Miniature Inverted Terminal Elements*) relacionadas ao elemento *Bari*. Para isso, apenas as sequências das TIRs foram utilizadas nas buscas. Análises adicionais, como identificação de TSDs e densidade gênica nas regiões flangeadoras dos MITEs, foram realizadas.

#### 4.2 ANÁLISES POPULACIONAIS

Foram utilizadas linhagens de *D. melanogaster* e de *D. simulans* de diferentes origens geográficas, que correspondem a localidades onde as espécies teriam se originado (África: ancestral) e onde teriam invadido (Europa e Índia: invasão antiga e Brasil: invasão recente) (Tabela 1).

**TABELA 1** - Descrição das linhagens ancestrais e invasoras, de *D. melanogaster* e de *D. simulans*, utilizadas neste estudo.

| Espécie                | Classificação quanto à origem | Origem           | Coletor/Estoque |
|------------------------|-------------------------------|------------------|-----------------|
| <i>D. melanogaster</i> | Ancestral                     | Madagascar       | David, J        |
|                        |                               | Congo            | 14021.0231-24   |
|                        | Invasora Antiga               | Draveil – França | David, J        |
|                        |                               | Delhi – Índia    | David, J        |
| Invasora Recente       | Florianópolis – SC            | Granzotto, A     |                 |
| <i>D. simulans</i>     | Ancestral                     | Madagascar       | David, J        |
|                        |                               | Zimbábue         | Begun, D        |
|                        | Invasora Antiga               | Draveil – França | Capy, P         |
|                        |                               | Escócia          | 14021.0251-009  |
| Invasora recente       | Florianópolis – SC            | Granzotto, A     |                 |
|                        | Pernambuco                    | Rohde, C         |                 |

O DNA genômico foi extraído a partir de um conjunto de 50 indivíduos de acordo com o protocolo de Jowett (1986). A quantidade e a integridade do DNA extraído foram avaliadas por meio de espectrofotômetro NanoDrop e de eletroforese em gel. As reações de amplificação (PCRs) foram realizadas utilizando os oligonucleotídeos iniciadores construídos a partir das inserções genômicas encontradas nas análises *in silico* realizadas.

Nas reações de amplificação de ambos os elementos foram utilizados 200 ng de DNA genômico, 0,4 mM de cada oligonucleotídeo iniciador (Tabela 2), 1 mM de MgCl<sub>2</sub>, 1X Tampão, 0,08 mM de cada desoxirribonucleotídeos fosfatados (dNTPs) e 0,625 unidades de enzima polimerase (Taq Platinum – Invitrogen ®). As ciclagens também foram iguais, sendo 4 minutos a 94 °C e 30 ciclos de 45 segundos a 94° C, 45 segundos a 69 °C para o *Bari* e 59 °C para o *412* e 1 minuto a 72°C, seguidos por um período de 10 minutos para a extensão final.

Os fragmentos obtidos foram purificados (Reagentes de purificação DNA GFX DNA&Gel Band – GE®) e clonados utilizando-se o kit TOPO TA Cloning (Invitrogen®), segundo as especificações do fabricante. Foram selecionadas para sequenciamento, 20 colônias de cada linhagem de *D. simulans* e 30 de cada linhagem de *D. melanogaster*. As colônias foram selecionadas ao acaso submetidas à extração de plasmídeo com utilizando fenol/clorofórmio e sequenciadas automaticamente utilizando os oligonucleotídeos iniciadores M13F e M13R para o elemento *Bari* e os específicos para o *412*, e o Kit de reagentes Big-Dye V3 (Applied®). O sequenciamento foi realizado na Universidade Estadual Paulista UNESP, na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, campus de Jaboticabal, pelo Laboratório de Bioquímica e Biologia Molecular sob a responsabilidade da professora Dra. Maria Ines Tiraboschi Ferro, do Departamento de Tecnologia.

**TABELA 2** – Oligonucleotídeos iniciadores utilizados para a amplificação dos fragmentos dos elementos de transposição dos elementos *Bari* e *412* em populações naturais de *D. melanogaster* e *D. simulans*.

| Descrição    | Sequência                             | Posicionamento <sup>1</sup> |         | Tamanho fragmento |
|--------------|---------------------------------------|-----------------------------|---------|-------------------|
|              |                                       | Início                      | Término |                   |
| <i>BariF</i> | 5' CGG GCT GGT ATT GTT GCT AGG TTT 3' | 34                          | 57      | 722 pb            |
| <i>BariR</i> | 5' ATC CTA CCC TTA TGG CAT GGA GCA3'  | 732                         | 755     |                   |
| <i>412F</i>  | 5' TGG SCR AGG TCA WAR GAC AT 3'      | 2.036                       | 2.055   | 877 pb            |
| <i>412R</i>  | 5' RCT TTS TAT STT ATA GGG CC 3'      | 2.894                       | 2.913   |                   |

<sup>1</sup>Sequência descrita da transposase do *Bari* e da *pol* do *412* (região que compreende a integrase) em *D. melanogaster*.

### 4.3 ANÁLISES EVOLUTIVAS

Foram realizadas análises evolutivas (reconstrução de relações evolutivas entre as cópias, análises de divergência e de tempo de origem das cópias) utilizando as sequências com cobertura maior que 80% de regiões codificantes dos dois elementos; da transposase, do transposon *Bari*, e da integrase, na ORF2 (*pol*), do retrotransposon *412*.

A diversidade nucleotídica foi calculada utilizando o programa DNASP (LIBRADO; ROZAS, 2009) e a taxa de substituições sinônimas por sítios sinônimos (dS), utilizando o método de Nei & Gojobori (NEI; GOJOBORI, 1986), e os valores de distância, utilizando Kimura 2-parâmetros (KIMURA, 1980), com o auxílio do programa Mega4 (TAMURA et al., 2007). As relações evolutivas entre as sequências foram reconstruídas por meio do programa Network utilizando o algoritmo Median Joining (BANDELT et al., 1999) com os parâmetros padrões, utilizando as sequências de nucleotídeos.

O tempo de origem das inserções foi estimado utilizando a fórmula do relógio molecular  $r = k/2T$ , onde  $r$  é a taxa de substituições sinônimas neutras em *Drosophila* ( $r = 0,011/\text{sítio}/\text{milhões de anos}$  - TAMURA et al., 2004) e  $k$  é a taxa de divergência, com variações para cada tipo de sequência:

- *Estimativa do tempo de mobilização das cópias completas do retrotransposon 412:* como as LTRs da nova cópia são sintetizadas a partir de apenas uma das LTRs da cópia mãe, no momento da transcrição reversa, ambas LTRs da cópia gerada são idênticas no momento que se integram no genoma, assim, o tempo em que a cópia se integrou pode ser calculado a partir da taxa de divergência ( $k$ ) entre as LTRs da cópia (BOWEN; MCDONALD, 2001; MUGNIER et al., 2008), sendo utilizada a distância por Kimura 2-parâmetros (KIMURA, 1980);

- *Estimativa do tempo de origem para sequências codificantes:* nas regiões da transposase, para o *Bari*, e da integrase, para o *412*, foi utilizada a média da taxa de substituições sinônimas por sítios sinônimos (dS) das sequências;

- *Estimativa do tempo de origem dos MITEs:* para essa estimativa foi utilizada a distância Kimura 2-parâmetros (KIMURA, 1980), como também realizada por (ZERJAL et al., 2009; HAN et al., 2010). As distâncias foram calculadas a partir da comparação das cópias com a sequência consenso, construída com o auxílio do programa DAMBE (XIA; XIE, 2001).

As idades estimadas de integração das cópias completas do retrotransposon *412* foram plotadas com o auxílio do pacote MINITAB14, bem como os testes estatísticos.

---

## **RESULTADOS E DISCUSSÃO**

## 5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 5.1 TRANSPOSON *BARI*

#### 5.1.1 ANÁLISE *IN SILICO*

O transposon *Bari* foi encontrado no genoma das seis espécies do grupo *melanogaster* que apresentam seu genoma sequenciado. As características de cada sequência e a indicação da sequência referência encontram-se no Apêndice B, e o número de cópias, o tamanho médio e a identidade média encontram-se na Tabela 3. Em *D. melanogaster*, denominado *Bari\_DM*, o elemento completo possui 1.728 pb, com TIRs de 28 pb e uma sequência codificante da transposase de 1.020 pb (CAZZI et al., 1993). Cópias com estrutura semelhante à descrita em *D. melanogaster* foram encontradas nas espécies do complexo *melanogaster* analisadas, *D. simulans* e *D. sechellia*. Em *D. erecta* e *D. ananassae*, por sua vez, o transposon *Bari* apresenta TIRs maiores, com cerca de 256 pb (Apêndice C), já descritas (MOSCHETTI et al., 2008), mas com transposase de tamanho semelhante ao do *Bari\_DM*. Já, *D. yakuba* apresentou apenas uma sequência com cerca de 215 pb e similaridade de 94% com a TIR do elemento descrito em *D. erecta* (*Bari1* – Y13853), sendo, por isso, essa espécie excluída das análises realizadas.

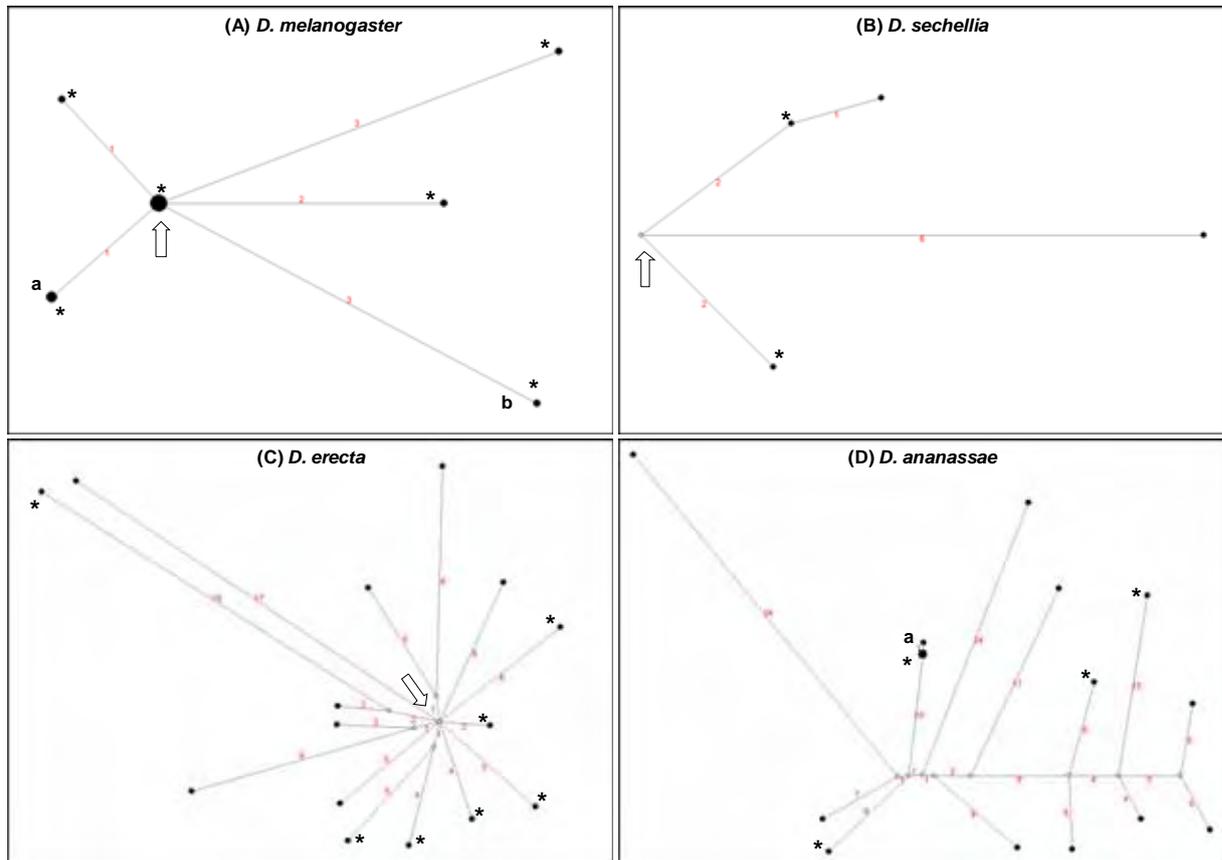
**TABELA 3** – Características das cópias do transposon *Bari* anotadas no genoma de cada espécie do grupo *melanogaster*.

| Espécie                | Completas <sup>1,2</sup> |                      | Incompletas <sup>1</sup> |                      | n > 80 <sup>3</sup> |
|------------------------|--------------------------|----------------------|--------------------------|----------------------|---------------------|
|                        | n                        | Tamanho <sup>4</sup> | n                        | Tamanho <sup>4</sup> |                     |
| <i>D. melanogaster</i> | 11                       | 1.716,4 ± 9,5        | 57                       | 520,3 ± 52,08        | 11                  |
| <i>D. simulans</i>     | 2                        | 1.728 ± 0            | 7                        | 528,1 ± 95,73        | 2                   |
| <i>D. sechellia</i>    | 2                        | 1.728 ± 1            | 5                        | 871,8 ± 292,12       | 4                   |
| <i>D. yakuba</i>       | -                        | -                    | 1                        | 215                  | -                   |
| <i>D. erecta</i>       | 7                        | 1.690,3 ± 20,1       | 38                       | 601,5 ± 76,33        | 15                  |
| <i>D. ananassae</i>    | 4                        | 1.711,2 ± 21,99      | 31                       | 704,06 ± 93,95       | 15                  |

<sup>1</sup>Apêndice B; <sup>2</sup>Cópias que apresentam ambas as TIRs; <sup>3</sup>Cópias que apresentam tamanho da transposase maior ou igual a 80% do tamanho total (1.020 pb), utilizadas nas análises; <sup>4</sup>Média e erro padrão.

Diferentes modelos de expansão podem ser inferidos da análise do transposon *Bari* (Figura 3). A topologia que representa o modelo *master gene* se aplica para as espécies *D. melanogaster*, *D. sechellia* e *D. erecta*; entretanto, mesmo dentre essas, tempos distintos de expansão resultam em representações com algumas diferenças. Em *D. ananassae*, as

relações evolutivas entre as cópias são próximas à do modelo *transposon* proposto. Não foi possível reconstruir as relações entre as cópias do *Bari* em *D. simulans*, que apresenta em seu genoma apenas duas cópias com tamanho da região da transposase maior que 80%, e em *D. yakuba*, que tem apenas um fragmento desse elemento em seu genoma.



**FIGURA 3** – Relações evolutivas entre as sequências *Bari* nas espécies do grupo *melanogaster*, cujo genoma foi sequenciado, reconstruídas pelo método Median Joining Network. (A) *D. melanogaster* – região da transposase (n = 11; 918 pb de 1.020 pb); (B) *D. sechellia* (n = 4; 1.018 pb de 1.020 pb); (C) *D. erecta* (n = 15; 497 pb de 1.020 pb); (D) *D. ananassae* (n = 15; 557 pb de 1.020 pb). Os círculos preenchidos correspondem às cópias do elemento em cada genoma, sendo o tamanho dos mesmos correspondente à frequência de cópias iguais. Os círculos vazios representam nós ancestrais ou sequências não amostradas. O comprimento dos ramos é proporcional ao número de eventos mutacionais ocorridos, indicados pelo número próximo ao ramo. Os asteriscos (\*) indicam sequências que possuem ambas as TIRs (5' e 3'). A seta indica a sequência *master*. Os sítios contendo deleções foram retirados da matriz de alinhamento.

Em *D. melanogaster*, a topologia em forma de estrela observada no *network* ajusta as relações evolutivas entre as cópias do *Bari* ao modelo *master gene* (Figura 3A). Nessa espécie, a sequência *master* constitui um nó real (não inferido). Apresenta-se completa em termos estruturais (contendo TIRs e sequência codificante da transposase íntegras) sendo, portanto, putativamente ativa. Essa sequência contribui com 81% das cópias do *Bari*,

enquanto que as sequências que originam secundariamente novas cópias (9,5%) contribuem com apenas 9,5% das sequências.

A presença de um nó central constituído por uma sequência real, a ausência de reticulação e a ocorrência de vários ramos de tamanhos similares sugerem uma expansão recente do elemento *Bari* a partir da sequência *master* (ZERJAL et al., 2009; HAN et al., 2010). As estimativas da divergência entre as cópias, como também as baixas taxas de substituição sinônimas das cópias completas, reforçam essa hipótese (Tabela 4; Apêndice D a G). O tempo de expansão das cópias completas foi estimado em cerca de 0,040 milhões de anos.

**TABELA 4** – Divergência em sítios sinônimos (dS) e tempo de origem das cópias do transposon *Bari* com tamanho maior que 80% da extensão da transposase.

| <b>Espécie</b>         | <b>n</b> | <b>dS<sup>1,2,4</sup></b> | <b>Tempo<sup>2,3,4</sup></b> |
|------------------------|----------|---------------------------|------------------------------|
| <i>D. melanogaster</i> | 11       | 0,0009 ± 0,0003           | 0,04 ± 0,01                  |
| <i>D. simulans</i>     | 2        | 0                         | 0                            |
| <i>D. sechellia</i>    | 4        | 0,0073 ± 0,0011           | 0,33 ± 0,05                  |
| <i>D. erecta</i>       | 15       | 0,0418 ± 0,0018           | 1,90 ± 0,08                  |
| <i>D. ananassae</i>    | 15       | 0,0753 ± 0,0030           | 3,42 ± 0,14                  |

<sup>1</sup>Número de substituições sinônimas por sítio sinônimo; <sup>2</sup> Média e erro padrão; <sup>3</sup>Tempo, médio, em milhões de anos; <sup>4</sup>Apêndices D a G.

O *network* com as cópias completas das espécies do complexo *melanogaster* (*D. melanogaster*, *D. simulans* e *D. sechellia*) resolve detalhadamente a relação entre as cópias de *D. melanogaster* (Figura 4B). Seis cópias de *D. melanogaster* são originadas a partir de sequências secundárias, resultando no surgimento de grupos de sequências que compartilham substituições diagnósticas. A origem secundária constitui a hipótese mais parcimoniosa, pois sugere a ocorrência dessas substituições apenas uma vez e, não independentes, nas sequências agrupadas.

Os agrupamentos 1 e 2, entretanto, podem ser resultados de eventos distintos nessa espécie (Figura 4B). No agrupamento 1, de modo semelhante ao que ocorre a partir da sequência *master*, as sequências derivadas seriam produto de transposição replicativa, ou seja, a sequência originando novas cópias no genoma e não apenas a mobilização conservativa de um local para outro.

As quatro cópias do agrupamento 2, por sua vez, estão localizadas na região U do genoma, que constitui, em grande parte regiões de heterocromatina cuja localização cromossômica não foi determinada. Caggese et al. (1995), em uma análise da distribuição do

elemento *Bari* em linhagens de *D. melanogaster* e de *D. simulans*, observaram que a principal diferença entre as duas espécies é a presença de várias cópias arranjadas em *tandem* na região heterocromática de *D. melanogaster* e sua ausência em *D. simulans*. Posteriormente, o mesmo grupo, em uma análise detalhada dessa região (h39 do cromossomo 2), observou que essas cópias diferem das presentes na eucromatina apenas pela ausência dos dinucleotídeos CA na TIR 5' (MARSANO et al., 2003). As substituições que resultam no agrupamento 2 são exatamente nos nucleotídeos 1, 2 e 3 da TIR 5', indicando que essas cópias são as do arranjo em *tandem* observado pelos autores. Na mesma análise, os autores sugeriram uma origem distinta da transposição para essas cópias e propõem um modelo no qual, semelhante ao mecanismo de *rolling circle* reportado para os *Helitrons*, o deslocamento da fita de DNA, e não a mobilização por *cut-and-paste*, teria originado as cópias portando as substituições observadas e resultando no arranjo em *tandem* observado.

Estruturalmente, a maioria das cópias do transposon *Bari* em *D. melanogaster* são putativamente completas, concordante com suas origens recentes. Duas sequências apresentam alterações. Na sequência me64c (Figura 3A - a) é observada uma deleção de 99 pb, que, contudo, não gera *stop* códon prematuro, mas não deve originar uma proteína funcional, mas um *stop* códon prematuro está presente na outra sequência (me3c, Figura 3A - b). Singularmente, trabalhos recentes têm sugerido um possível papel adaptativo da última, em algumas linhagens de *D. melanogaster* (GONZALEZ et al., 2008; GONZALEZ et al., 2009; GONZALEZ; PETROV, 2009). As demais cópias (10) apresentam sua região codificante íntegra, ou seja, sem a presença de *stop* códons prematuros. As extremidades dos elementos, exceto nas cópias do arranjo em *tandem* da heterocromatina, não apresentam substituições, estando, portanto, passíveis de reconhecimento pela transposase.

Cerca de 77% das sequências heterocromáticas do genoma sequenciado *D. melanogaster* são constituídas de sequências repetidas oriundas de elementos de transposição, que são principalmente representados por fragmentos e, portanto, inativos, de retrotransposons com e sem LTRs (SMITH, 2007). Nossos resultados relevam uma exceção nesse contexto, a presença de uma cópia do transposon *Bari*, completa e ativa, originando todas as demais cópias completas encontradas no genoma, tanto na heterocromatina quanto na eucromatina.

Em *D. simulans*, que não apresentou número de sequências suficiente para a reconstrução das relações evolutivas, o número de fragmentos e a taxa de divergência refletem um cenário diferente. Somente duas sequências apresentam suas extremidades conservadas e apenas uma tem a região de transposase íntegra. Essas sequências *D. simulans*

se associam intimamente com as cópias de *D. melanogaster*, com as sequências me2c e si8c agrupando-se no nó central da reconstrução (Figura 4B). A primeira constitui a sequência *master* que teria dado origem às demais cópias completas encontradas em *D. melanogaster*. O tempo distinto de divergência das cópias nas duas espécies e o agrupamento sugerem uma introdução recente do elemento *Bari* em *D. melanogaster* a partir de *D. simulans* (SANCHEZ-GRACIA et al., 2005). Posteriormente à introdução, a sequência se manteve ativa e teria se dispersando no genoma.

Em *D. sechellia*, foi reconstruída também uma topologia em estrela, entretanto, com menor número de ramificações (Figura 3B). Diferente do observado em *D. melanogaster*, a sequência *master*, que teria originado a maioria das cópias, constitui um nó inferido, e não uma sequência anotada, indicando que após a origem de novas cópias essa divergiu significativamente das demais sequências a ponto de não se posicionar na porção central do *network*, ou foi perdida. Apenas uma sequência origina secundariamente novas cópias, contudo, essa pode representar a sequência *master* ativa em dois momentos distintos. O tempo estimado de divergência dessas cópias foi de 0,334 milhões de anos.

A topologia em estrela também foi característica das relações evolutivas do transposon *Bari* em *D. erecta* (Figura 3C), a espécie mais basal do subgrupo *melanogaster*. Nesta, cerca de 20% das sequências originam secundariamente novas cópias que contribuem com 40% das sequências encontradas. A sequência *master*, por sua vez, origina diretamente 35% das sequências. A reconstrução das relações entre as cópias do *Bari* de *D. erecta* apresentou numerosas reticulações (Apêndice H), sugerindo a ocorrência de diversos sítios hipervariáveis, resultando em homoplasias. Esses sítios foram retirados da matriz de alinhamento que gerou a Figura 3C. A presença de ramos de diferentes comprimentos e de inúmeras reticulações, sugere tratarem-se de sequências oriundas de um processo de expansão antigo. A estimativa do tempo de divergência das cópias sustenta a sugestão de um processo mais antigo (1,90 milhões de anos) quando comparado ao das espécies do complexo *melanogaster*. Singularmente, 57% das cópias originadas das sequências *master*, e 37% das cópias originadas secundariamente, constituem sequências que apresentam suas TIRs 5' e 3', e com uma moderada taxa de divergência ( $k = 0,04633 \pm 0,0058$ ), portanto, passíveis de mobilização. Contudo, nenhuma dessas sequências (7) apresenta a região da transposase íntegra, sendo encontrados *stop* códons prematuros, que impede a produção da transposase para a mobilização, mas vai ao encontro da origem antiga sugerida.

Em *D. ananassae*, um modelo mais próximo ao modelo transposon de expansão é encontrado, não sendo possível, assim, apontar uma sequência *master* (Figura 3D – Apêndice

I). A ausência de uma sequência *master* e a ocorrência de diversos nós, originando, de forma gradativa, poucas sequências, com ramos de comprimentos distintos, sugerem uma mobilização contínua, porém baixa em um período de tempo relativamente longo, concordante com o tempo de origem estimado desse elemento nessa espécie (3,42 milhões de anos). A ocorrência de *stop* códons prematuros nas sequências completas indica a ausência da transposase, enzima responsável pela mobilização e, portanto, esses elementos seriam todos, hoje, inativos. Contudo, a presença de nós recentes, representado por ramos curtos (**a** em destaque na Figura 3D), sugere que esse processo tenha cessado apenas recentemente.

Os valores altos de distância observados, aliados aos parâmetros restritivos utilizados na busca das cópias no genoma, podem ter resultado na formação de muitos nós ancestrais inferidos na rede, devido a não inclusão de possíveis cópias com divergência superior a 80%. Outra possibilidade seria a de que as cópias que constituem essas sequências inferidas não foram amostradas no sequenciamento do genoma dessa espécie.

Na análise do *network* incluindo as sequências de todas as espécies (Figura 4A), observa-se claramente três agrupamentos: um correspondente às cópias do complexo *melanogaster*, outro às cópias de *D. erecta* e um terceiro correspondendo às de *D. ananassae*. As sequências dos complexos *melanogaster* (*D. melanogaster*, *D. simulans* e *D. sechellia*) e *erecta* (*D. erecta*), ambos pertencentes ao subgrupo *melanogaster*, ligam-se a diferentes grupos de sequências de *D. ananassae* (complexo *ananassae*), a espécie mais divergente desse grupo. Essas relações sugerem a existência de polimorfismo na linhagem ancestral do grupo *melanogaster* e a herança estocástica dessas sequências nas linhagens evolutivas derivadas.

Os elementos desses três agrupamentos diferem estruturalmente, sendo que em *D. erecta* e *D. ananassae* as TIRs são longas, enquanto que no complexo *melanogaster* são curtas (MOSCHETTI et al., 1998; MOSCHETTI et al., 2008). Esses autores sugerem que elementos com TIRs curtas são completos e potencialmente autônomos, enquanto que os que possuem TIRs longas são, invariavelmente, defectivos (MOSCHETTI et al., 2008). Similarmente a essas proposições, todas as cópias estruturalmente completas do elemento *Bari* anotadas nessas espécies apresentaram *stop* códons prematuros em sua região codificante.

Os elementos presentes em *D. erecta* e *D. ananassae*, com TIRs longas, pertenceriam à subfamília *Bari2*, cuja origem remonta a cerca de 40 milhões de anos, antes da divergência dos subgêneros *Sophophora* e *Drosophila* representando relíquias de um elemento *Bari* ancestral (MOSCHETTI et al., 2008), com apenas os 50 nucleotídeos das

extremidades com maior grau de conservação. Similarmente ao reportado pelo grupo de Moschetti, a diversidade nucleotídica dos 50 nucleotídeos das extremidades das cópias encontradas em *D. erecta* (0,03647,  $S = 0,01104$ ) e *D. ananassae* (0,05655,  $S = 0,01617$ ) foi baixa, mas, similar à encontrada em *D. melanogaster* (0,03506,  $S = 0,00735$ ), espécie que apresenta sequências *Bari* com TIRs curtas e diversas cópias similares, resultado de um processo recente de expansão.

A expansão do *Bari* em *D. ananassae* e *D. erecta* foi mais antiga do que a das espécies do subgrupo *melanogaster*, entretanto, eventos recentes de transposição parecem ter ocorrido, sugerindo que esses elementos não sejam, propriamente, relíquias e que apresentam ou apresentaram alguma atividade até um tempo recente. Mesmo incompletas, essas sequências podem ter se mobilizado recentemente, visto que a transposase dos elementos da superfamília Tc1-*mariner*, a qual *Bari* pertence, apresenta os domínios catalítico conservado DDE na porção C-terminal e hélice-volta-hélice (HTH) na N-terminal (PLASTERK; VAN LUENEN, 2002) (Apêndice B), este se liga a uma região de aproximadamente 20 pb entre o 5° e o 30° nucleotídeo das extremidades do transposon, sendo responsável pelo reconhecimento da sequência a ser mobilizada. Assim, a região conservada observada nas extremidades das cópias, semelhantemente ao reportado para os elementos do tipo MITEs (FESCHOTTE; PRITHAM, 2007), possibilitaria a ligação de transposases de outros elementos, que poderiam reconhecer as extremidades das TIRs e promover a mobilização.

O compartilhamento de uma sequência na linhagem ancestral da qual se dispersou as espécies do complexo *melanogaster* é evidente na rede reconstruída com as cópias completas do *Bari*. A mesma rede, aliada ao cálculo do tempo de origem das cópias, sugere a transferência, possivelmente por introgressão, de uma cópia do transposon *Bari* de *D. simulans* para *D. melanogaster*. Essa cópia, em *D. melanogaster*, teria dado origem, nos últimos 40 mil anos, às demais cópias completas observadas.

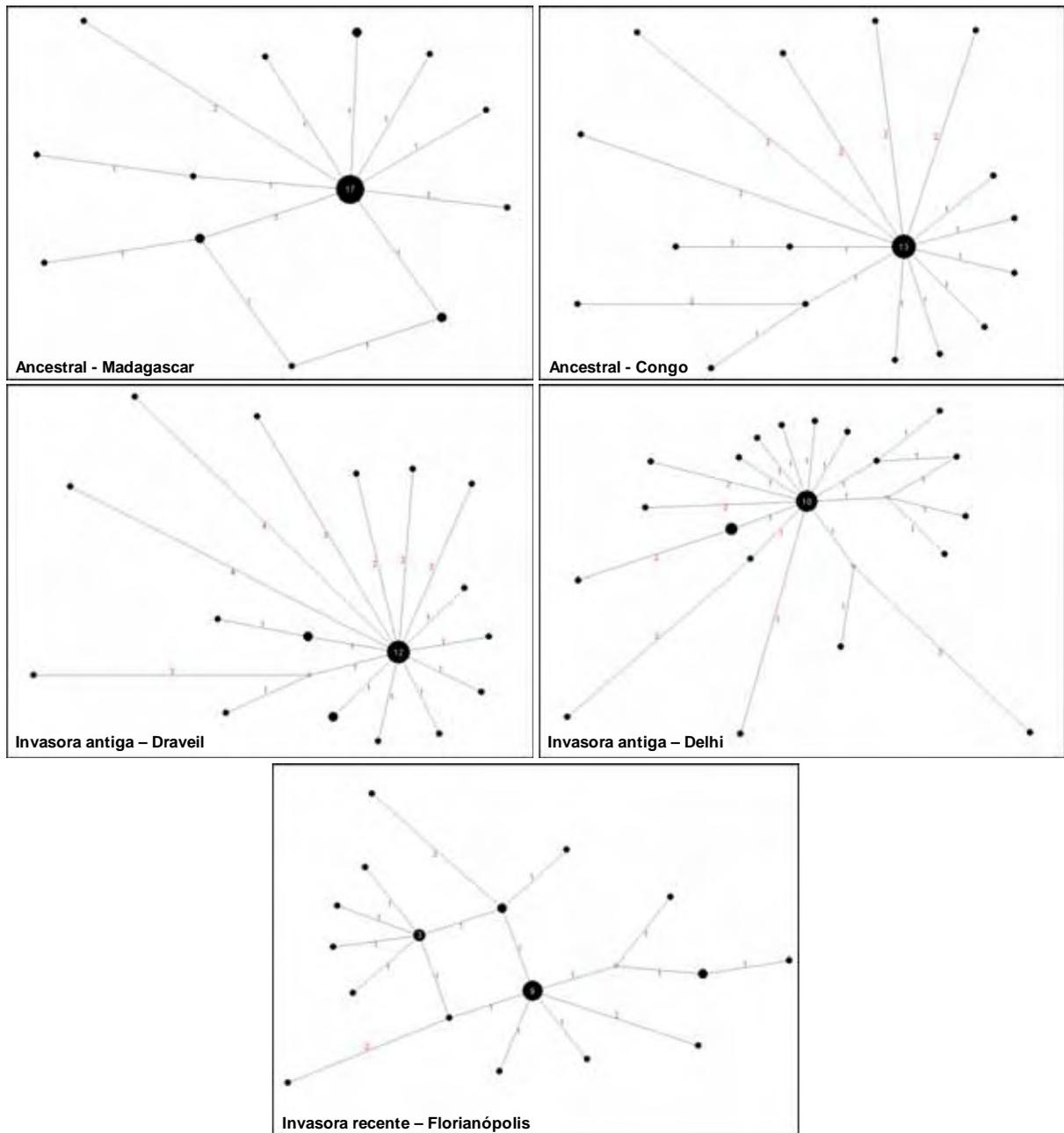


## 5.2 ANÁLISE POPULACIONAL

O transposon *Bari* foi encontrado em todas as populações naturais analisadas em ambas as espécies. O modelo *master copy* de expansão foi encontrado na maioria das populações naturais de *D. melanogaster* (Figura 5). Tanto nas linhagens ancestrais, quanto nas invasoras antigas, uma cópia posiciona-se centralmente na rede e, dessa, parte a maioria dos ramos referentes às cópias derivadas. Na linhagem invasora recente, contudo, não é possível indicar uma cópia *master*, estando presente mais de uma cópia que contribuem de forma equivalente para a amplificação no número de cópias do transposon *Bari* nessa população.

Nas linhagens ancestrais e nas invasoras antigas a cópia *master* contribui diretamente com uma parcela significativa das cópias amostradas, entre 65 e 86%. Outras cópias (entre 7% e 15%) também contribuem na origem de novas inserções, contudo, essa parcela é muito menor (entre 18% e 7%) quando comparadas com a da *master*. Na linhagem invasora recente, por sua vez, não é possível indicar apenas uma cópia *master*, sendo que de dois nós partem a maioria dos ramos. Nesta linhagem, cerca de 20% das cópias contribuem diretamente na origem de novas cópias, aproximando o modelo de expansão do elemento *Bari* nesta população ao *intermediário*.

Nas reconstruções há um predomínio de ramos curtos, decorrentes de poucos eventos mutacionais existentes entre as cópias. O menor comprimento dos ramos e a presença de uma aglomeração de cópias junto à *master* indicam um processo de expansão recente, congruente com a taxa de divergência observada e o tempo de origem estimado das cópias nessas populações, em torno de 0,2 milhões de anos (Tabela 5; Apêndices J a U). Esse processo recente de expansão é característico inclusive nas populações ancestrais, sendo que a população de Madagascar, africana, apresentou os menores valores tanto de divergência quanto de tempo de origem. Já o maior tempo estimado foi encontrado na população originária do Congo, outra ancestral, mas esse foi muito semelhante ao tempo estimado das demais populações analisadas.



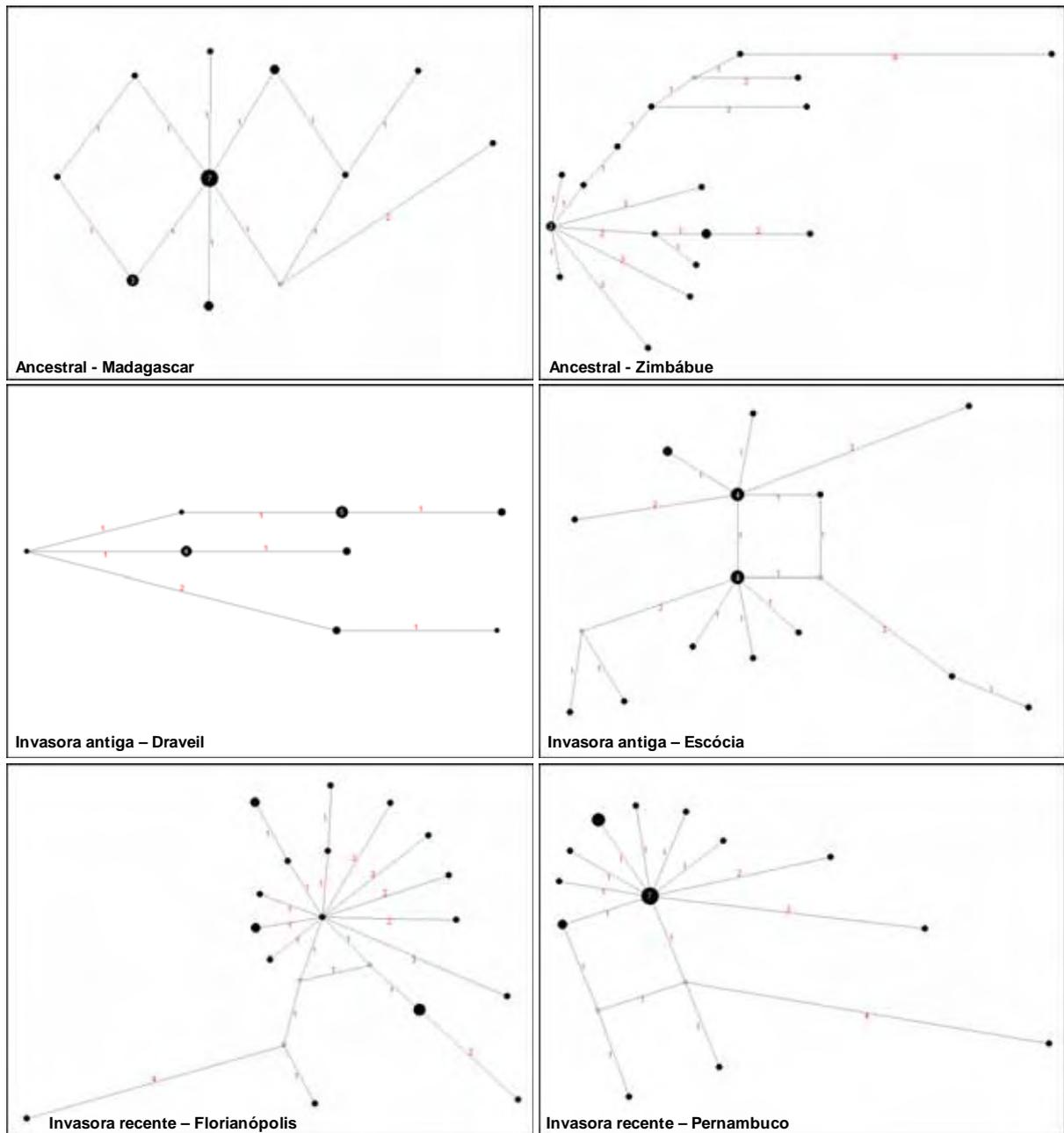
**FIGURA 5 –** Relações evolutivas entre as cópias do transposon *Bari* amostradas a partir de populações de *D. melanogaster* de diferentes regiões geográficas, classificadas como ancestrais e invasoras, antigas e recente. Madagascar (n = 32; 600 pb); Congo (n = 29; 556 pb); Draveil (n = 30; 590 pb); Delhi (n = 31; 584 pb); Florianópolis (n = 29; 546 pb). Os círculos preenchidos correspondem às cópias do elemento em cada população, sendo o tamanho dos mesmos correspondente à frequência de cópias iguais. Os círculos vazios representam nós ancestrais ou sequências não amostradas. O comprimento dos ramos é proporcional aos eventos mutacionais ocorridos, indicados pelo número em vermelho próximo ao ramo. Os sítios contendo deleções foram retirados da matriz de alinhamento.

**TABELA 5** – Diversidade genética ( $\pi$ ) e tempo de origem do transposon *Bari* em populações naturais de *D. melanogaster* e *D. simulans*.

| Espécie <sup>1</sup> / Linhagem   | $\pi^2$         | dS <sup>2,3</sup> | Tempo <sup>2,4</sup> |
|-----------------------------------|-----------------|-------------------|----------------------|
| Dm / Ancestral – Madagascar       | 0,0019 ± 0,0001 | 0,00046 ± 0,000   | 0,021 ± 0,004        |
| Dm / Ancestral – Congo            | 0,0033 ± 0,0001 | 0,0049 ± 0,0003   | 0,224 ± 0,015        |
| Dm / Inv. antiga – Draveil        | 0,0038 ± 0,0001 | 0,0047 ± 0,0003   | 0,214 ± 0,013        |
| Dm / Inv. antiga – Delhi          | 0,0041 ± 0,0001 | 0,0042 ± 0,0002   | 0,191 ± 0,011        |
| Dm / Inv. recente – Florianópolis | 0,0044 ± 0,0001 | 0,0046 ± 0,0002   | 0,208 ± 0,012        |
| Ds / Ancestral – Madagascar       | 0,0035 ± 0,0001 | 0,0018 ± 0,0003   | 0,081 ± 0,012        |
| Ds / Ancestral – Zimbábue         | 0,0077 ± 0,0003 | 0,0147 ± 0,0006   | 0,669 ± 0,029        |
| Ds / Inv. antiga – Draveil        | 0,0044 ± 0,0001 | 0,0022 ± 0,0003   | 0,099 ± 0,012        |
| Ds / Inv. antiga – Escócia        | 0,0039 ± 0,0001 | 0,0023 ± 0,0002   | 0,103 ± 0,010        |
| Ds / Inv. recente – Florianópolis | 0,0057 ± 0,0002 | 0,0087 ± 0,0005   | 0,397 ± 0,024        |
| Ds / Inv. recente – Pernambuco    | 0,0029 ± 0,0001 | 0,0016 ± 0,0002   | 0,071 ± 0,008        |

<sup>1</sup>Dm: *D. melanogaster*, Ds: *D. simulans*; <sup>2</sup>Média e erro padrão; <sup>3</sup>Apêndices J a U; <sup>4</sup>Tempo em milhões de anos.

Nas populações de *D. simulans*, contudo, o cenário encontrado é diferente (Figura 6). Nessa espécie, a contribuição de outras sequências, distintas da *master*, é relevante no processo de expansão das sequências do elemento *Bari* na maioria das populações analisadas. Em algumas populações, inclusive, é difícil inferir a ocorrência de uma sequência *master*, como nas populações invasoras antigas, que são facilmente identificadas nas populações de *D. melanogaster*.



**FIGURA 6 –** Relações evolutivas entre as cópias do transposon *Bari* amostradas a partir de *D. simulans* de diferentes regiões geográficas, classificadas como ancestrais e invasoras, antigas e recentes. Madagascar (n = 20; 483 pb); Zimbábue (n = 19; 687 pb); Draveil (n = 18; 594 pb); Escócia (n = 21; 722 pb); Florianópolis (n = 21; 657 pb); Pernambuco (n = 21; 722 pb). Os círculos preenchidos correspondem às cópias do elemento em cada população, sendo o tamanho dos mesmos correspondente à frequência de cópias iguais. Os círculos vazios representam nós ancestrais ou sequências não amostradas. O comprimento dos ramos é proporcional aos eventos mutacionais ocorridos, indicados pelo número em vermelho próximo ao ramo. Os sítios contendo deleções foram retirados da matriz de alinhamento.

A reconstrução das relações entre as cópias do transposon *Bari* nas populações ancestrais de *D. simulans* difere entre si. Na população de Madagascar, observa-se a presença de uma cópia *master* e esta contribui com ao menos 50% das inserções, aproximando-se ao modelo intermediário. Por outro lado, na população de Zimbábue, apesar da presença de uma

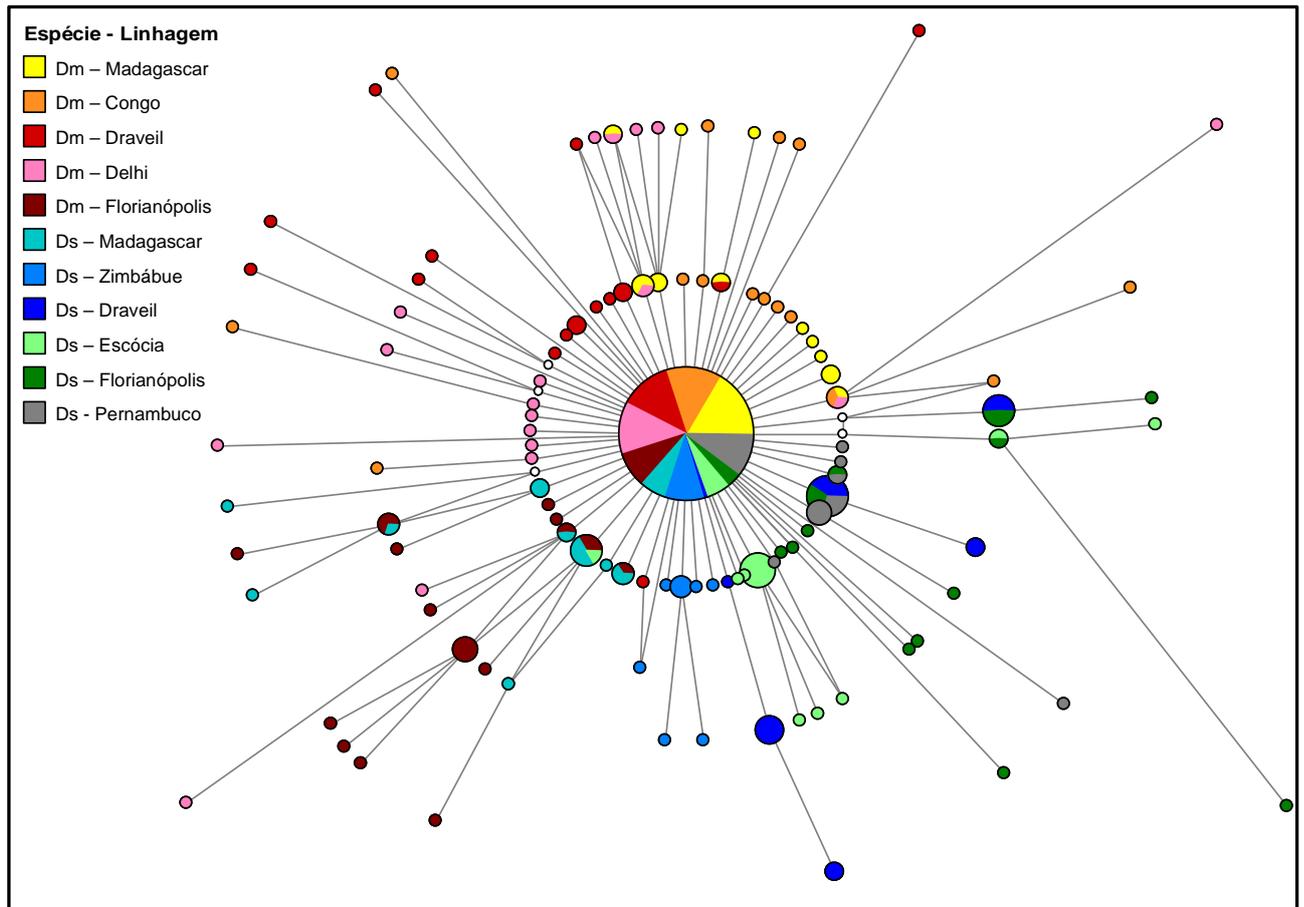
cópia *master*, a maioria das cópias é derivada secundariamente, de inserções distintas da *master*, ajustando o processo de expansão ao modelo transposon, o esperado para o elemento *Bari*.

Nas populações européias, consideradas invasoras antigas, não é possível a indicação de uma sequência *master*, visto a aglomeração de cópias em mais de um nó em ambas as populações. Essas aglomerações, por ocorrerem em mais de um nó, podem ser artefato do processo de amostragem para o sequenciamento, contudo, em ambas as populações, as relações entre as sequências aproximam-se ao modelo intermediário de expansão.

Entretanto, nas populações invasoras recentes, a presença da cópia *master* é conspícua indicando uma contribuição significativa dessa sequência na expansão desse elemento (entre 50% e 60%). As relações entre as cópias derivadas e as *masters* são caracterizadas por diversos ramos curtos, sugerindo tratar-se de eventos recentes de transposição. Outras cópias, distintas da *master*, que originam novas cópias estão associadas a ramos longos e a reticulações – estas decorrentes de homoplasias – que sugerem tratar-se de cópias antigas remanescentes.

De modo geral, e similar ao reportado às populações de *D. melanogaster* ( $t$ -Student = -0,61;  $P$  = 0,566, entre os tempos estimados de origem de *D. melanogaster* e *D. simulans*), o tempo estimado de origem desse elemento nas populações de *D. simulans* é recente (Tabela 5). O tempo mais antigo estimado para *D. simulans* foi encontrado na população de Zimbábue, 0,669 milhões de anos, e os mais recentes, 0,081 e 0,072 milhões de anos, nas populações de Madagascar (classificada como ancestral) e de Pernambuco (classificada como invasora recente).

As relações de ancestralidade/descendência entre as sequências de todas as populações, tanto de *D. melanogaster*, quanto de *D. simulans*, indicam o compartilhamento de uma sequência, que se posiciona centralmente na rede e pode ser, portanto, considerada a sequência ancestral do transposon *Bari* nessas espécies (Figura 7). Na maioria das populações, em ambas as espécies, observa-se relações de parentesco mais próximas entre as sequências de cada população, contudo, o compartilhamento de cópias entre populações da mesma espécie e também é observado entre espécies distintas.



**FIGURA 7 – Relações evolutivas entre as cópias do transposon *Bari* amostradas em todas as populações analisadas de *D. melanogaster* e *D. simulans*.** Os círculos coloridos correspondem às cópias do elemento, sendo o tamanho dos mesmos correspondente à frequência de cópias iguais. Os círculos vazios representam nós ancestrais ou sequências não amostradas. O comprimento dos ramos é proporcional aos eventos mutacionais ocorridos, indicados pelo número em vermelho próximo ao ramo. Os sítios contendo deleções foram retirados da matriz de alinhamento. Legenda; Dm: *D. melanogaster*; Ds: *D. simulans*.

Em *D. melanogaster* ocorre um compartilhamento de nós entre as populações consideradas ancestrais (Madagascar e Congo) e as invasoras antigas (Draveil e Delhi). Assim, as cópias herdadas, durante o processo de invasão teriam sido mantidas depois do evento, tanto nas populações descendentes, quanto nas populações fundadoras. Situação semelhante, mas entre as populações invasoras antigas e recentes, ocorre em *D. simulans*. Neste caso, as populações invasoras recentes (Florianópolis e Pernambuco) compartilham nós com as invasoras antigas (européias), sugerindo que o processo de invasão do Brasil teria ocorrido a partir do continente europeu e não africano, onde a espécie teria originado.

Um intenso compartilhamento entre sequências de populações das duas espécies envolve as populações de Madagascar de *D. simulans* e de Florianópolis de *D. melanogaster*. Nesse compartilhamento, as populações de Delhi (*D. melanogaster*) e da Escócia (*D. simulans*) também possuem cópias que se relacionam com as sequências compartilhadas.

De modo semelhante ao encontrado na análise dos genomas, as sequências do transposon *Bari* formam um grupo homogêneo entre as espécies *D. melanogaster* e *D. simulans*. Apesar da divergência de *D. melanogaster* ter ocorrido entre 2 e 3 milhões de anos da linhagem ancestral do complexo *simulans*, após a divergência de *D. simulans* dessa linhagem, a cerca de 0,5 milhões de anos, ambas as espécies coexistiram após a divergência no continente africano (LACHAISE et al., 1988). Esse período, que é anterior à atual simpatria entre as espécies, resultado da recente colonização, teria se iniciado por volta de 11,5 mil anos, durante o Pleistoceno tardio, e perdurado até 9,5 ou 6,5 mil anos. Durante esse período eventos de hibridização poderiam ter ocorrido e resultado na homogeneização das cópias do *Bari* em ambas as espécies.

## 5.2 RETROTRANSPONON 412

### 5.2.1 ANÁLISE *IN SILICO*

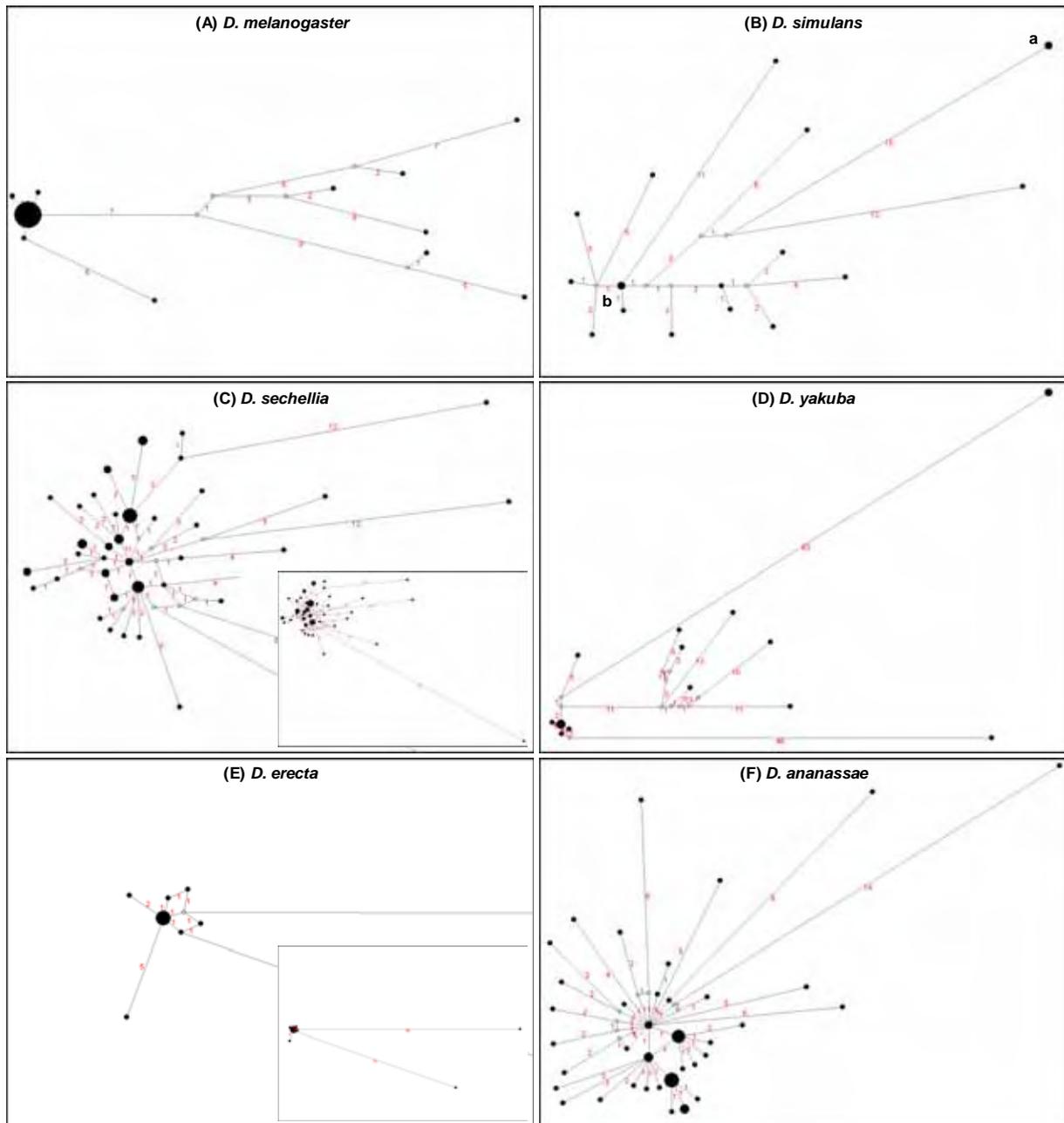
Foram encontradas sequências homólogas ao retrotransposon 412, descrito em *D. melanogaster*, em todas as espécies do grupo *melanogaster* (Tabela 6; Apêndice X). Esse retrotransposon pertence à superfamília *gypsy* e apresenta 8.039 pb em *D. melanogaster* (FINNEGAN et al., 1978), LTRs (513 pb) e quatro ORFs, sendo duas de sequências reguladoras (366 pb e 315 pb) e duas codificadoras (*gag* e *pol*). A *gag* (1.356 pb) codifica uma proteína relacionada à maturação do RNA no citoplasma e a *pol* (3.003 pb) codifica três proteínas: a transcriptase reversa (558 pb), a RNase (357 pb) e a integrase (489 pb), nessa ordem.

**TABELA 6** – Número e tamanho das cópias do retrotransposon 412 anotadas no genoma de cada espécie do grupo *melanogaster*.

| Espécie                | Completas <sup>1,4</sup> |                      | Incompletas <sup>4</sup> |                      | n > 80 <sup>2</sup> |
|------------------------|--------------------------|----------------------|--------------------------|----------------------|---------------------|
|                        | n                        | Tamanho <sup>3</sup> | n                        | Tamanho <sup>3</sup> |                     |
| <i>D. melanogaster</i> | 27                       | 7.487,3 ± 28,72      | 37                       | 977,32 ± 127,07      | 36                  |
| <i>D. simulans</i>     | 2                        | 7.497,0 ± 72         | 113                      | 1.335,69 ± 115,98    | 18                  |
| <i>D. sechellia</i>    | 5                        | 7.341,4 ± 86,39      | 153                      | 2.758,44 ± 163,82    | 62                  |
| <i>D. yakuba</i>       | 2                        | 6.910,5 ± 114,5      | 44                       | 1.835,09 ± 249,64    | 16                  |
| <i>D. erecta</i>       | 7                        | 7.336,6 ± 58,28      | 74                       | 831,36 ± 179,58      | 15                  |
| <i>D. ananassae</i>    | 14                       | 8.395,1 ± 219,40     | 198                      | 1.893,87 ± 107,71    | 54                  |

<sup>1</sup>Cópias que apresentam ambas as LTRs; <sup>2</sup>Cópias que apresentam tamanho da integrase maior ou igual a 80% do tamanho total (489 pb), utilizadas nas análises; <sup>3</sup> Média e erro padrão; <sup>4</sup> Apêndice X.

O retrotransposon 412 apresentou dinâmica de dispersão genômica variável nas espécies do grupo *melanogaster* (Figura 8). Em *D. melanogaster* e *D. erecta*, o modelo *master* parece se ajustar à dinâmica de expansão desse elemento e, em ambas as espécies, esse processo parece ser recente. Por outro lado, em *D. simulans*, *D. sechellia*, *D. yakuba* e *D. ananassae*, a contribuição para a origem da maioria cópias parece não ser determinada pela sequência *master*. Em *D. simulans*, inclusive, é difícil o ajuste da mesma aos modelos de dispersão propostos, se aproximando ao modelo *transposon*.



**FIGURA 8** – Relações evolutivas entre as sequências do elemento 412 nas espécies do grupo *melanogaster* reconstruídas pelo método Median Joining Network. (A) *D. melanogaster* (n = 36; 396 pb); (B) *D. sechellia* (n = 62; 281 pb); (C) *D. simulans* (n = 18; 360 pb); (D) *D. erecta* (n = 16; 390 pb); (E) *D. yakuba* (n = 15; 364 pb); (F) *D. ananassae* (n = 54; 221 pb). Os círculos preenchidos correspondem às cópias do elemento em cada genoma, sendo o tamanho dos mesmos correspondente à frequência de cópias iguais. Os círculos vazios representam nós ancestrais ou sequências não amostradas. O comprimento dos ramos é proporcional ao número de eventos mutacionais ocorridos, indicados pelo número próximo ao ramo. A seta indica a sequência *master*. Os sítios contendo deleções foram retirados da matriz de alinhamento.

Em *D. melanogaster*, a presença de dois grupos de cópias é conspícua, um com sequências apresentando ramos mais longos e o outro, com cópias concentradas, originadas de uma única sequência, a *master* (Figura 8A). Essa sequência contribui diretamente com 73% das cópias amostradas, sendo estas ou idênticas à *master*, ou com poucas diferenças,

evidenciadas por ramos muito curtos. Outras sequências, cerca de 17%, contribuem com apenas 14% das cópias.

Esses dois grupos de cópias 412 em *D. melanogaster* são formados por sequências com tempos de origem distintos (Tabela 7); o primeiro, com cópias mais antigas, evidenciadas pelos ramos mais longos e, o segundo, mais recente. O tempo estimado de origem das cópias reporta-se a 1,3 milhões de anos. Entretanto, a rede indica uma recente expansão desse elemento, que pode ser deduzida pela concentração de cópias em torno da sequência *master* - muitas idênticas entre si ou com ramos curtos - e pelo o tempo estimado de integração das cópias que apresentam ambas LTRs, todas, originadas diretamente da *master* (Figura 9).

**TABELA 7** – Divergência em sítios sinônimos (dS) e tempo estimado de origem das cópias e da mobilização das sequências completas, do retrotransposon 412.

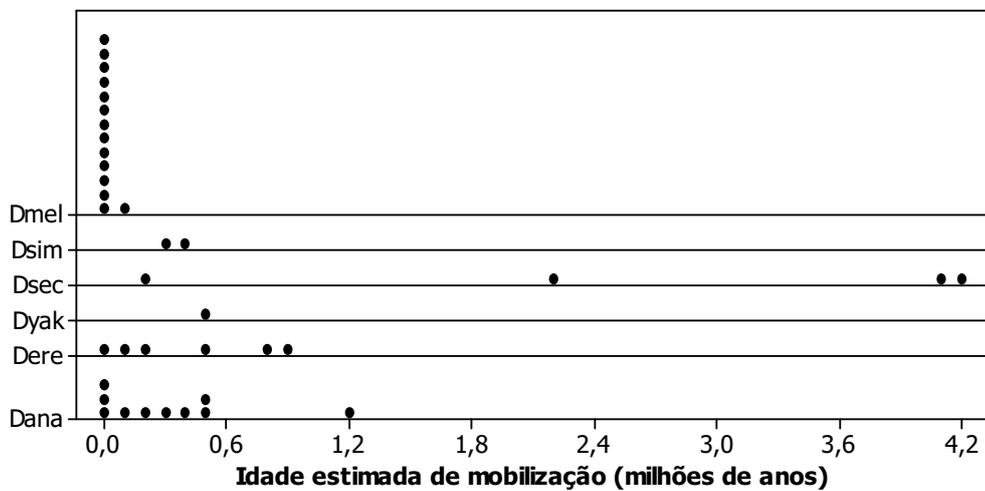
| Espécie                | Integrase |                 |                      | LTRs |                    |                      |
|------------------------|-----------|-----------------|----------------------|------|--------------------|----------------------|
|                        | n         | dS <sup>1</sup> | Tempo <sup>1,2</sup> | n    | K2p <sup>1,2</sup> | Tempo <sup>1,2</sup> |
| <i>D. melanogaster</i> | 36        | 0,029 ± 0,002   | 1,337 ± 0,323        | 27   | 0,00015 ± 0,0001   | 0,007 ± 0,005        |
| <i>D. simulans</i>     | 18        | 0,062 ± 0,003   | 2,808 ± 0,424        | 2    | 0,008 ± 0,002      | 0,356 ± 0,089        |
| <i>D. sechellia</i>    | 62        | 0,030 ± 0,001   | 1,348 ± 0,137        | 5    | 0,048 ± 0,020      | 2,182 ± 0,889        |
| <i>D. yakuba</i>       | 16        | 0,158 ± 0,013   | 7,174 ± 1,667        | 2    | 0,010 ± 0,00003    | 0,477 ± 0,002        |
| <i>D. erecta</i>       | 15        | 0,048 ± 0,012   | 2,181 ± 1,386        | 7    | 0,009 ± 0,003      | 0,386 ± 0,129        |
| <i>D. ananassae</i>    | 54        | 0,026 ± 0,001   | 1,162 ± 0,166        | 14   | 0,006 ± 0,002      | 0,292 ± 0,090        |

<sup>1</sup> Média e erro padrão; <sup>2</sup>Tempo médio em milhões de anos.

Em *D. sechellia*, observam-se duas cópias localizadas centralmente, sendo uma delas a sequência *master* e outra, derivada. A sequência *master* originou sequências filhas com capacidade de mobilização, sendo que a *master* contribui com 30% e, as filhas (24%), com 67% das cópias (Figura 8B). Duas cópias que se posicionam centralmente não apresentam ambas LTRs, sugerindo que a sequência *master* não estaria, atualmente, ativa. As sequências filhas apresentam tempos de integração distintos, tendo, assim, sido originadas gradativamente com um intervalo de, mais ou menos, 2 milhões de anos. Após seu surgimento, elas contribuiriam com fases de expansão desse elemento caracterizadas por ramos longos, presentes nas mais antigas, e curtos, nas mais recentes. Entretanto, mesmo apresentando ambas LTRs, as duas cópias posicionam-se nas extremidades da rede, não originando sequência alguma.

A idade de integração das cópias com ambas LTRs em *D. sechellia* é de 0,2 a 4,2 milhões de anos (Figura 9), sugerindo tratar-se de um elemento que existe e tem permanecido ativo nessa espécie durante um longo período de tempo. O tempo médio de origem estimado a

partir da sequência da integrase, por sua vez, é mais recente e similar ao encontrado em *D. melanogaster*, cerca 1,3 milhões de anos. Como se estima que *D. sechellia* originou-se há apenas 0,4 milhões de anos (LACHAISE; SILVAIN, 2004), as cópias mais antigas seriam sequências presentes no ancestral comum da linhagem evolutiva que originou o complexo *melanogaster* e que teriam permanecido nessa espécie via transmissão vertical. Adicionalmente, a existência de cópias com um tempo de integração mais recente, em comparação ao tempo de diversificação da espécie, sugere que esse elemento tenha se mobilizado posteriormente à origem dessa espécie.



**FIGURA 9** – Idade da mobilização das cópias do retrotransposon 412 nas espécies do grupo *melanogaster*. Em alguns casos, cada símbolo pode representar até duas ocorrências (*D. melanogaster* 0,0; *D. ananassae* 0,5 e 0,0; *D. erecta* e *D. sechellia*, 0,2; *D. yakuba*, 0,5).

Em *D. simulans* (Figura 8C), com 39% das cópias originando novas sequências (78%), não é evidente a existência de uma sequência *master*. Observam-se no *network* dois nós (a e b, em destaque na Figura 8C) formados cada um por 2 sequências idênticas, na região utilizada para a reconstrução, que sugere eventos de mobilização recente. Contudo, nenhuma dessas cópias apresenta ambas LTRs, assim, essas ocorrências podem ser devido a duas razões: (i) erros na montagem do genoma, que é a possível razão do agrupamento **a**, por tratar-se de fragmentos, que apesar de se localizarem em porções distintas do genoma, apresentam poucas variações em suas extremidades; ou, (ii) tratar-se da alta conservação da região da integrase, pois constituem cópias localizadas em regiões distintas do genoma, bem como, apresentam diferenças em outras porções da cópia que não a região da integrase, que é provável ser a razão do agrupamento **b**.

O tempo estimado de origem das cópias do 412 em *D. simulans* é superior ao encontrado em *D. melanogaster* e em *D. sechellia*, cerca de 2,8 milhões de anos. O número de fragmentos é similar ao encontrado em *D. sechellia* e, em ambas, maior do que em *D. melanogaster*; contudo, suas cópias completas datam uma mobilização mais recente do que as de *D. sechellia*, mas próximas da época de origem de *D. sechellia*, não sendo encontrada nenhuma cópia com data de integração posterior a essa origem (0,4 milhões de anos), o que sugere que esse elemento não teria se mobilizado posteriormente a esse evento.

Em *D. yakuba* foram encontradas cópias isoladas com longos ramos e grupos distintos de sequências mais concentradas (Figura 8E). Um desses agrupamentos é formado por diversos ramos de comprimentos medianos e outro por cópias concentradas em torno de um nó, com poucas e pequenas ramificações. Estas representam diretamente a contribuição da sequência *master* (23%), enquanto que as demais cópias, que se originam secundariamente (53%), contribuem com a grande maioria das sequências (65%). O tempo recente de expansão do último grupo é sustentado pela idade estimada de mobilização das duas cópias que apresentam ambas LTRs, presentes nesse grupo, em torno de 0,5 milhões de anos, sendo que ambas originam-se diretamente do nó central maior do *network*, em contra partida, nenhuma cópia do nó central, por sua vez, apresenta ambas LTRs,

Apesar das duas cópias com ambas LTRs datarem seus eventos de mobilização em torno de 0,5 milhões de anos, a idade estimada de origem a partir da integrase reporta a 7 milhões de anos atrás, próxima ao tempo de divergência dessa espécie, entre 8 e 15 milhões de anos (LACHAISE; SILVAIN, 2004). Dessa forma, a taxa de degradação dessas sequências é congruente com o tempo de origem da espécie, sugerindo que essas representam a sequência ancestral do 412 presente na linhagem que deu origem ao subgrupo *melanogaster*.

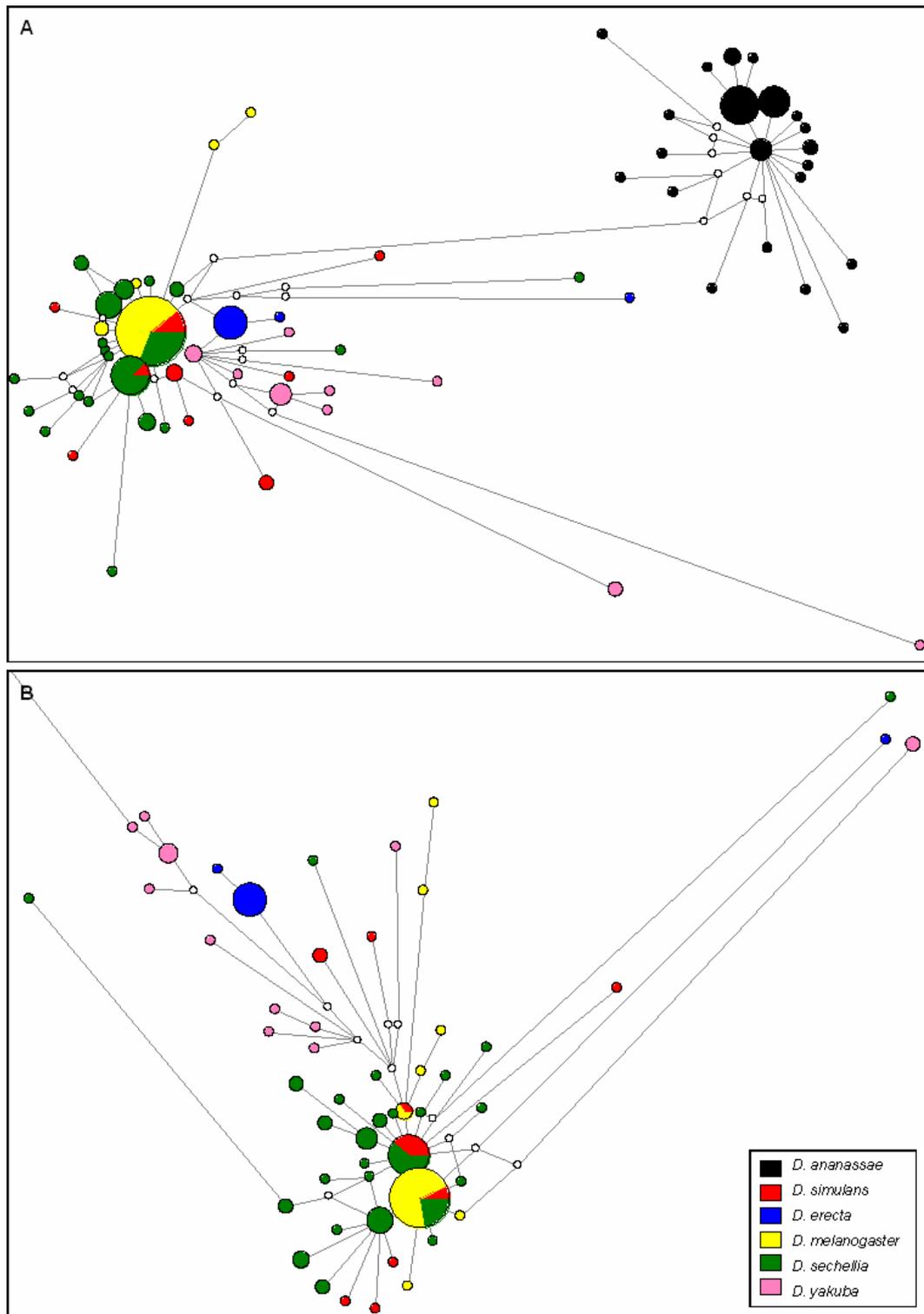
Em *D. erecta*, observa-se uma recente expansão desse elemento a partir da sequência *master* (Figura 8D). Essa contribui com 71% das cópias amostradas, enquanto que as demais sequências que originam secundariamente novas cópias (14%), contribuem com apenas 21%. Uma sequência se destaca no *network*, apresentando um longo ramo, enquanto que as demais concentram-se em torno da *master*, com ramos curtos. O tempo estimado desse elemento em *D. erecta* é de 2,18 milhões de anos, sobretudo devido à ocorrência dessa sequência muito divergente. A análise das cópias completas, por sua vez, mostra que esse elemento tem se mobilizado no último milhão de ano (Figura 9), resultando na expansão recente observada na rede.

Em *D. ananassae*, o modelo *master* com o surgimento de cópias filhas capazes de originar novas cópias é conspícuo (Figura 8F). A sequência *master* contribui diretamente com

30% das cópias observadas, e a presença de ramos longos e curtos derivados diretamente desta sugere que esta permanece ativa desde longo período de tempo. Adicionalmente, 24% das sequências originam secundariamente outras cópias, que perfazem 67%. Apesar da diferença no comprimento dos ramos e da evidência de recentes processos de expansão, o tempo estimado de origem desse elemento é cerca de 1,2 milhões de anos, semelhante, e até mais recente, ao reportado em *D. melanogaster* e *D. sechellia*.

A análise das relações entre as sequências do retrotransposon 412 em espécies do grupo *melanogaster* indica que a origem de cópias filhas, capazes de mobilização, parece não ser um padrão, mas não é um processo completamente aleatório. Em algumas espécies parece haver uma tendência maior de apresentar a capacidade de gerar novas cópias e, por sua vez, com capacidade de mobilização. Entretanto, o tempo de integração das cópias que apresentam ambas LTRs não é congruente com as etapas de origem sugeridas pelo *network*. Essas estimativas podem ser explicadas devido a eventos de recombinação inter-elementos e de conversão gênica que podem levar à homogeneização das LTRs e à sub estimativa das idades de integração (HUGHES; COFFIN, 2005; MUGNIER et al., 2008).

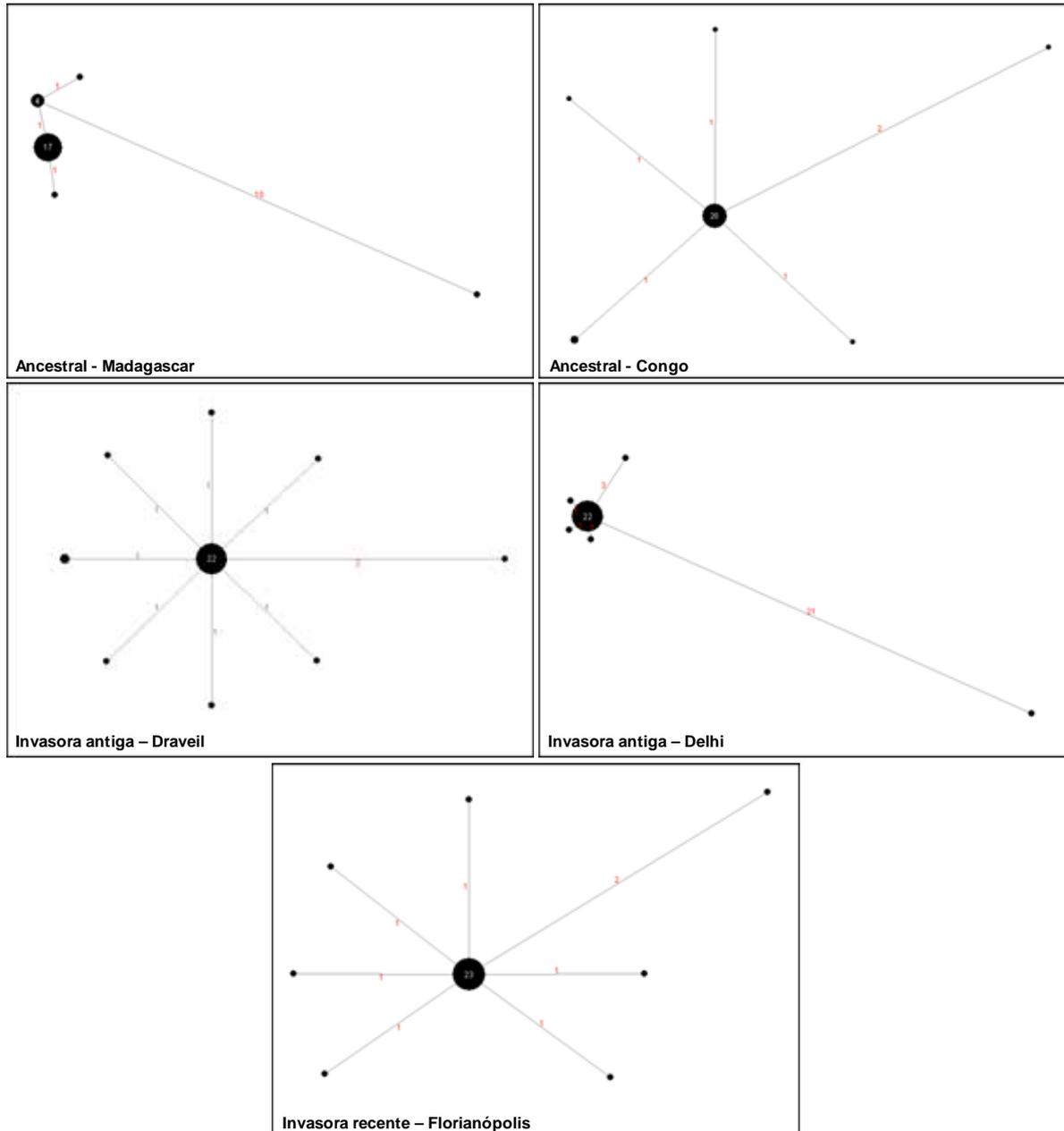
A reconstrução das relações entre todas as sequências do retrotransposon 412 forma um agrupamento mais homogêneo nas espécies do subgrupo *melanogaster* e outro mais divergente em *D. ananassae* (Figura 10). A relação entre algumas sequências de *D. erecta* e de *D. yakuba* com a grande maioria das cópias encontradas nas espécies do complexo *melanogaster* sugere que essas seriam sequências ancestrais ao grupo, que foram mantidas nessas espécies. Contudo, a maioria das cópias encontradas em ambas as espécies são resultado de um processo mais recente no tempo evolutivo, se agrupando entre si, formando ramos específicos das linhagens de cada espécie. Pode se observar também a manutenção de sequências ancestrais e a origem de sequências exclusivas de algumas linhagens no complexo *melanogaster*, havendo, ainda, agrupamento de cópias entre as três espécies, bem como, apenas entre *D. simulans* e *D. sechellia*, últimas a divergirem.



**FIGURA 10** – Relações evolutivas entre as cópias do retrotransposon 412 entre as espécies do grupo *melanogaster* reconstruídas pelo método Median Joining Network. (A) Com todas as espécies do grupo *melanogaster* (n = 200; 78 pb); (B) Com as espécies do subgrupo *melanogaster* (n = 146; 124 pb). Os círculos coloridos correspondem às cópias do elemento em cada genoma, sendo o tamanho dos mesmos correspondente à frequência de cópias iguais. Os círculos vazios representam nós ancestrais ou sequências não amostradas. O comprimento dos ramos é proporcional aos eventos mutacionais ocorridos. Os sítios contendo deleções foram retirados da matriz de alinhamento.

## 5.2.2 ANÁLISE POPULACIONAL

O retrotransposon *412* foi encontrado em todas as populações analisadas e, em todas elas é encontrado o mesmo padrão de expansão, que se ajusta ao modelo *master copy* (Figura 11).



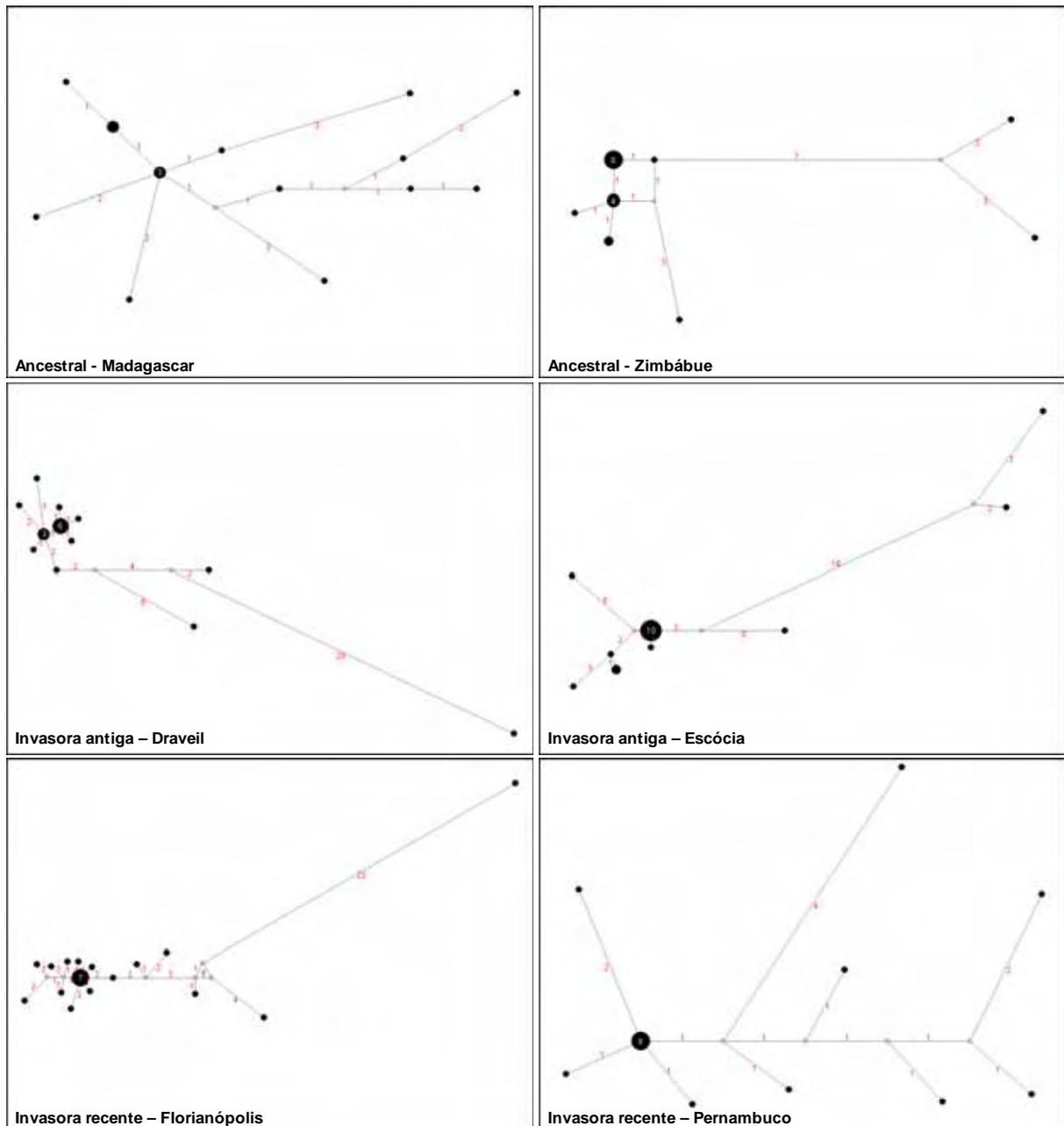
**FIGURA 11 – Relações evolutivas entre as cópias do retrotransposon *412* amostradas a partir de populações de *D. melanogaster* de diferentes regiões geográficas, classificadas como ancestrais e invasoras, antigas e recente.** Madagascar (n = 24; 437 pb); Congo (n = 26; 453 pb); Draveil (n = 31; 492 pb); Delhi (n = 27; 497 pb); Florianópolis (n = 30; 511 pb). Os círculos preenchidos correspondem às cópias do elemento em cada população, sendo o tamanho dos mesmos correspondente à frequência de cópias iguais. Os círculos vazios representam nós ancestrais ou sequências não amostradas. O comprimento dos ramos é proporcional aos eventos mutacionais ocorridos, indicados pelo número em vermelho próximo ao ramo. Os sítios contendo deleções foram retirados da matriz de alinhamento.

Em três linhagens, Congo, Draveil e Florianópolis, uma topologia muito similar foi encontrada, com um intenso agrupamento de sequências junto à *master copy* e poucos ramos e curtos que derivam diretamente da *master*. Apenas na população de Madagascar uma cópia distinta da *master* origina outras sequências.

Um processo intenso e recente de transposição pode ser inferido nas populações, esse, caracteriza-se pelo agrupamento de diversas sequências em um único nó e, quando presentes, os ramos são curtos, evidenciando sequências muito similares, diferentes entre si por poucos eventos mutacionais. O agrupamento de sequências junto à cópia que se posiciona centralmente é real, sugerindo a existência de várias cópias idênticas. Todas as cópias existentes no pool populacional amostrado possuem a mesma probabilidade de serem selecionadas durante o processo de amplificação, clonagem e sequenciamento; assim, diversas cópias idênticas a uma única sequência, nesses casos a *master*, não constituem artefato e sim cópias muito recentes, ainda idênticas a *master copy*, nas populações analisadas.

O tempo recente de ocorrência desses eventos é ainda sugerido pelos tempos de origem estimados, onde o valor médio máximo foi encontrado na população de Delhi (invasora antiga, 0,5 milhão de anos) (Tabela 8). Na população do Congo, inclusive, o tempo estimado foi próximo a zero, sugerindo que todas as cópias amostradas se originaram muito recentemente. Apenas nas populações de Madagascar e de Delhi foram encontradas cópias, uma em cada população, que apresentam ramos mais longos em relação às demais, sugerindo serem cópias antigas remanescentes. Nas demais populações, por outro lado, todas as cópias presentes seriam resultado de um recente *burst* de transposição.

A presença de eventos recentes de transposição também é sugerida para a maioria, senão todas, as populações de *D. simulans*, devido ao agrupamento de cópias existentes. Entretanto, nessa espécie o processo de expansão mostra-se muito diferente do sugerido para *D. melanogaster*, havendo tanto a contribuição massiva de outras cópias, distintas da *master*, quanto a permanência de cópias antigas (Figura 12).



**FIGURA 12 – Relações evolutivas entre as cópias do retrotransposon 412 amostradas a partir de de populações de *D. simulans* de diferentes regiões geográficas, classificadas como ancestrais e invasoras, antigas e recentes.** Madagascar (n = 17; 434 pb); Zimbábue (n = 19; 483 pb); Draveil (n = 19; 515 pb); Escócia (n = 19; 512 pb); Florianópolis (n = 22; 482 pb); Pernambuco (n = 17; 459 pb). Os círculos preenchidos correspondem às cópias do elemento em cada população, sendo o tamanho dos mesmos correspondente à frequência de cópias iguais. Os círculos vazios representam nós ancestrais ou sequências não amostradas. O comprimento dos ramos é proporcional aos eventos mutacionais ocorridos, indicados pelo número em vermelho próximo ao ramo. Os sítios contendo deleções foram retirados da matriz de alinhamento.

Uma topologia muito similar de expansão do retrotransposon 412 foi encontrada em todas as populações naturais de *D. simulans*. Nessa topologia observa-se aglomeração de sequências junto a alguns nós dos quais partem diversos ramos, sobretudo ramos curtos. Assim, essas aglomerações representariam uma cópia ativa (*master*) e diversas cópias

originadas dessa muito recentemente, sendo, ainda, idênticas à *master*. Adicionalmente, observam-se cópias que se relacionam com essas aglomerações por meio de ramos longos, que sugerem tratar-se de cópias mais antigas nas populações. Esse cenário é também evidenciado pelos tempos médios estimados de origem dessas cópias ( $1,026 \pm 0,13$  milhões de anos) (Tabela 8; Apêndices AF a AP). Esses, além de serem significativamente superiores aos observados em *D. melanogaster* ( $t$ -Student = 5,24;  $P = 0,001$ ) são maiores do que a data sugerida de divergência de *D. simulans*, 0,5 milhões de anos. Assim, essas cópias seriam cópias remanescentes da sequência 412 ancestral, ao menos, do complexo *simulans* e teriam sido mantidas em *D. simulans*.

**TABELA 8** – Diversidade genética ( $\pi$ ) e de tempo de origem do retrotransposon 412 em populações naturais de *D. melanogaster* e *D. simulans*.

| Espécie <sup>1</sup> / Linhagem   | $\pi^2$             | dS <sup>2,3</sup>   | Tempo <sup>2,4</sup> |
|-----------------------------------|---------------------|---------------------|----------------------|
| Dm / Ancestral – Madagascar       | 0,0032 $\pm$ 0,0004 | 0,0061 $\pm$ 0,0011 | 0,277 $\pm$ 0,048    |
| Dm / Ancestral – Congo            | 0,0012 $\pm$ 0,0001 | 0 $\pm$ 0           | 0 $\pm$ 0            |
| Dm / Inv. antiga – Draveil        | 0,0013 $\pm$ 0,0001 | 0,0022 $\pm$ 0,0002 | 0,102 $\pm$ 0,009    |
| Dm / Inv. antiga – Delhi          | 0,0040 $\pm$ 0,0005 | 0,0112 $\pm$ 0,0019 | 0,507 $\pm$ 0,085    |
| Dm / Inv. recente – Florianópolis | 0,0010 $\pm$ 0,0001 | 0,0006 $\pm$ 0,0001 | 0,026 $\pm$ 0,005    |
| Ds / Ancestral – Madagascar       | 0,0082 $\pm$ 0,0003 | 0,0183 $\pm$ 0,0013 | 0,833 $\pm$ 0,058    |
| Ds / Ancestral – Zimbábue         | 0,0070 $\pm$ 0,0005 | 0,0193 $\pm$ 0,0020 | 0,876 $\pm$ 0,091    |
| Ds / Inv. antiga – Draveil        | 0,0121 $\pm$ 0,0011 | 0,0259 $\pm$ 0,0024 | 1,177 $\pm$ 0,110    |
| Ds / Inv. antiga – Escócia        | 0,0158 $\pm$ 0,0013 | 0,0291 $\pm$ 0,0025 | 1,321 $\pm$ 0,112    |
| Ds / Inv. recente – Florianópolis | 0,0135 $\pm$ 0,0009 | 0,0305 $\pm$ 0,0020 | 1,384 $\pm$ 0,093    |
| Ds / Inv. recente – Pernambuco    | 0,0066 $\pm$ 0,0004 | 0,0124 $\pm$ 0,0009 | 0,566 $\pm$ 0,043    |

<sup>1</sup>Dm: *D. melanogaster*, Ds: *D. simulans*; <sup>2</sup>Média e erro padrão; <sup>3</sup>Apêndices AF a AP; <sup>4</sup>Tempo em milhões de anos.

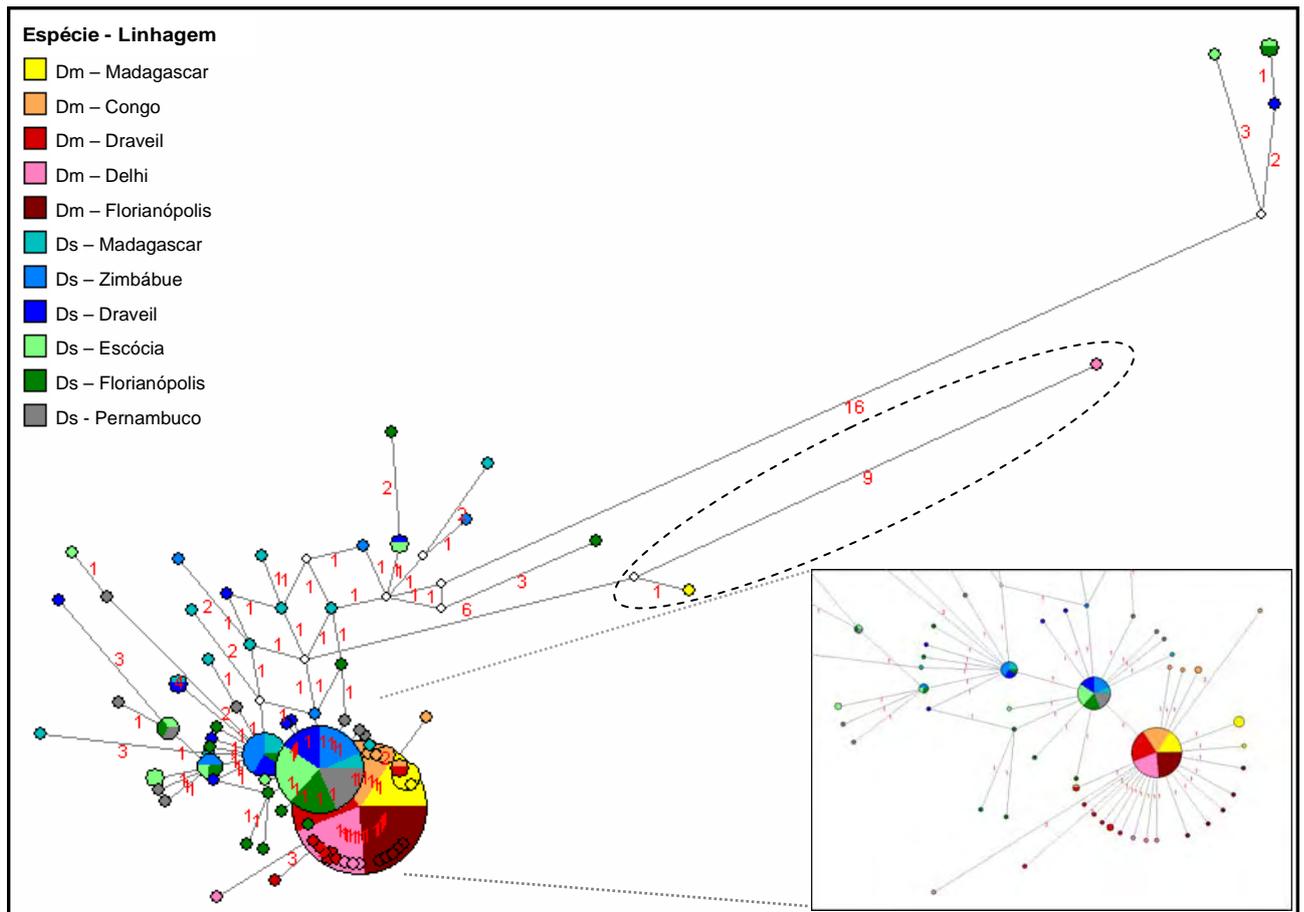
A reconstrução das relações evolutivas com todas as cópias nas populações analisadas em ambas as espécies mostra agrupamentos específicos (Figura 13). Observa-se na rede formada um agrupamento maior formado pelas cópias de todas as populações de *D. melanogaster* e outros agrupamentos pelas cópias de *D. simulans*.

As cópias do retrotransposon 412 das populações de *D. simulans* formam uma rede de relações complexas, havendo inúmeros compartilhamentos e reticulações que, aliados aos tempos estimados de origem, anteriores à divergência da espécie, sugerem tratar-se de cópias antigas presentes na linhagem ancestral da espécie. Diferentemente, em *D. melanogaster*, é encontrada uma topologia mais simples, onde prevalece a origem direta das cópias derivadas de um haplótipo ancestral existente. Essa sequência *master* de *D. melanogaster* é intimamente relacionada ao haplótipo mais comum nas populações de *D.*

*simulans*. Apenas duas cópias (Figura 13 - Destaque círculo tracejado), uma da população de Madagascar, e outra de Delhi, apresentam relações com as cópias antigas encontradas em *D. simulans*, e seriam, portanto, remanescentes antigas, presentes, ao menos, na linhagem ancestral do complexo *melanogaster*.

Dessa forma, um processo distinto de manutenção/eliminação do retrotransposon 412 é observado nas duas espécies analisadas. No genoma de *D. simulans*, essas cópias antigas foram mantidas, enquanto que no de *D. melanogaster* a maioria delas teria sido eliminadas, sendo as sequências encontradas, em sua maior parte, resultado de um processo recente de transposição. Esse processo pode ser decorrente de uma reativação por recombinação ectópica ou uma re-invasão do genoma por eventos de transferência horizontal ou, mais provavelmente, por eventos de hibridização, provavelmente com *D. simulans* (DE LUCCA et al., 2007; LERAT et al., 2010), visto que hibridização ocorre naturalmente entre essas espécies.

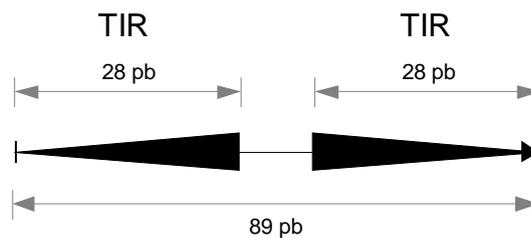
As relações evolutivas reconstruídas entre as cópias das populações naturais sustentam as inferências propostas a partir da análise dos genomas das espécies do grupo *melanogaster*. Assim, observa-se a herança vertical do elemento 412, com perda ou herança estocástica pelas espécies. Adicionalmente, observa-se nas duas análises maior manutenção de cópias antigas por parte do genoma da linhagem ancestral do complexo *simulans*, sobretudo por *D. simulans*, diferente de *D. melanogaster*, na qual predominam cópias recentes.



**FIGURA 13 –** Relações evolutivas entre as cópias do retrotransposon 412 amostradas em todas as populações analisadas de *D. melanogaster* e *D. simulans*. Os círculos coloridos correspondem às cópias do elemento, sendo o tamanho dos mesmos correspondente à frequência de cópias iguais. Os círculos vazios representam nós ancestrais ou sequências não amostradas. O comprimento dos ramos é proporcional aos eventos mutacionais ocorridos, indicados pelo número em vermelho próximo ao ramo. Os sítios contendo deleções foram retirados da matriz de alinhamento. Legenda: Dm: *D. melanogaster*; Ds: *D. simulans*.

### 5.3 MITES EM *D. SEHELLIA*

Em *D. sechellia* - e apenas nesta espécie - foram encontradas sequências cuja região das TIRs apresenta grande similaridades com as TIRs do transposon *Bari*; entretanto, a cópia completa apresenta um tamanho bem menor do que o do elemento descrito, com características semelhantes à estrutura dos MITES (Figura 14).



**FIGURA 14** – Estrutura do MITE encontrado em *D. sechellia*.

Os MITES são pequenos transposons que apresentam tamanho menor que 600 pb. Esses elementos perderam suas sequências codificantes de modo que consistem em sequências não autônomas; contudo, podem se mobilizar utilizando a transposase de elementos completos autônomos (FESCHOTTE; PRITHAM, 2007). Gonzalez e Petrov (2009) se referem a essas sequências como sendo “os últimos parasitas”, visto a relação de parasitismo dos elementos autônomos sobre as funções vitais da célula e a mesma relação dos MITES com os elementos autônomos.

Foram encontradas, no genoma sequenciado de *D. sechellia*, 49 sequências com as características de MITES, com a região terminal invertida com grande similaridade, 100% e 89%, à do elemento *Bari* (Figura 15). Além da grande similaridade entre as TIRs, a região interna dos MITES se alinha, continuamente, com uma região posterior/anterior às TIRs em 9 e 6 nucleotídeos e em mais uma sequência de 9 nucleotídeos na região não codificante entre a transposase e a TIR 3’.

```

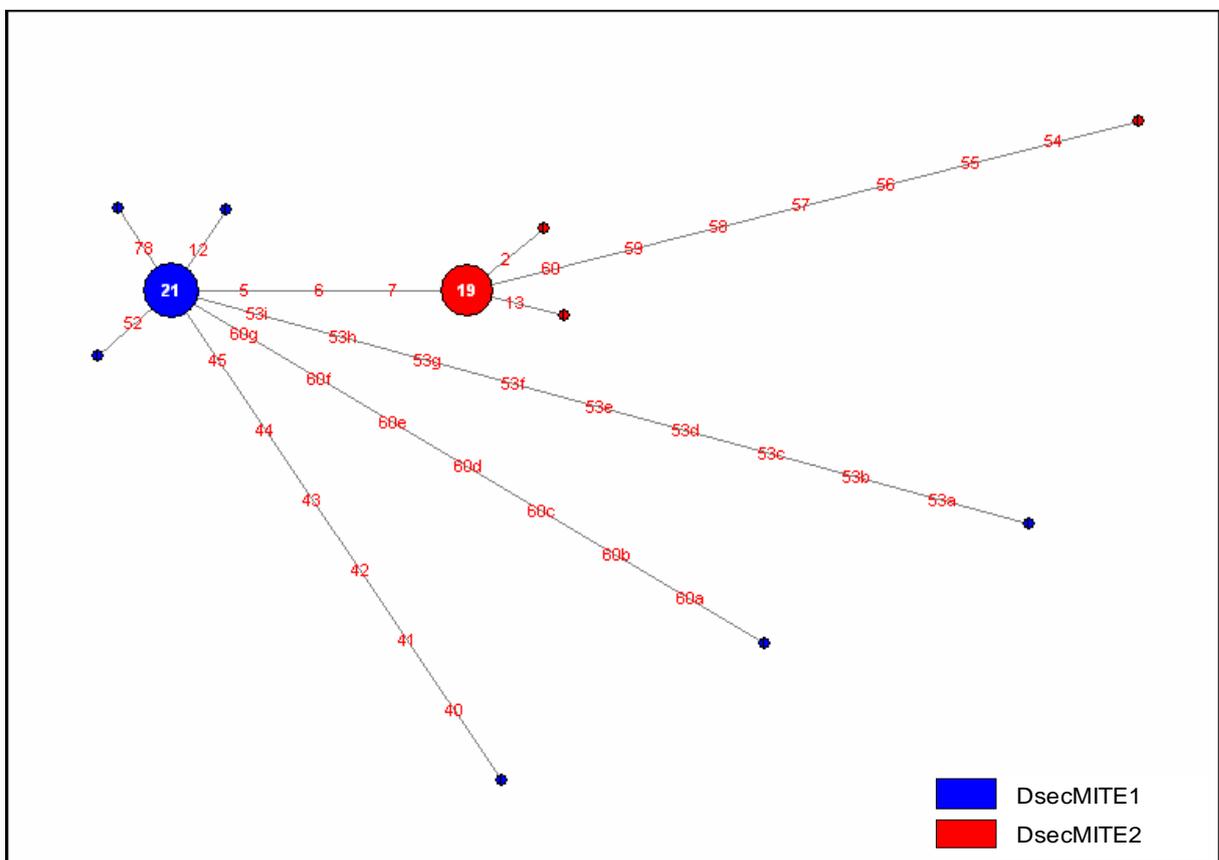
      10      20      30      40      50      60      70      80
BARIIDM   ACAGTCATGGTCAAAATTATTTTCACAAAGTGCATTTTTGTGCATGGGTCACAAACAGTTGCTTGTGCAGCAAGTGGGGG
DsecMITE_1 ACAGTCATGGTCAAAATTATTTTCACAAAGTGCAT
DsecMITE_2 ACAGAGGTGGTCAAAATTATTTTCACAAAGTGCAT
BARIIDM   GAGGTGAAATGCAAAAAAATTTTGTCTTTTGCAAATTCAAACCTATGCAGAGTCAGATGAAAGAAGAATTGAAAAATAA
DsecMITE_1
DsecMITE_2
BARIIDM   CTGTTCCATGCGCAAGGAAGAGGCAAAATGAAGAGATCTTTATCAGTTGTGAGAAGTATTTGCACACGGTTTCGTCGCAT
DsecMITE_1
DsecMITE_2
BARIIDM   CACAATTATTTTCACAACGCAATTTCTTCTCAGTGATTGGTTTAGAGTGACAAGTGCCGGTTTGTGCTTAAATACAT
DsecMITE_1
DsecMITE_2
BARIIDM   TTAATTATTGAATAAAAAATTAGATTTAATCATTTCCTATTACAGTTATTAATAAAATGCCAAAAACAAAAGAGTTAA
DsecMITE_1
DsecMITE_2
BARIIDM   CAGTTGAGGCCCGGGCTGGTATTGTGCTAGGTTTAAAGCCGGTACACCTGCGGCCAAAAATAGCTGAAATATATCAAATT
DsecMITE_1
DsecMITE_2
BARIIDM   TCGCGTAGAACTGTCTACTACTTAATAAAAAAGTTTGTATACAGTTGGCACATTAAAAAATAAAAAAGATCAGGCCGAAA
DsecMITE_1
DsecMITE_2
BARIIDM   ACCTGTGCTGGACCAAAGGCAATGCAGGCAAACTTTGGAGTTGTGGCGAAGAACTCTAGTGCCAGTCCGGTAAAAATTG
DsecMITE_1
DsecMITE_2
BARIIDM   CCTTAGAATCAAAAAATCAATTGGCAAAACAAGTTAGTAGTTCTACAATTGCTCGCAGGCTAAAAAGAAGCTGATTTTAAG
DsecMITE_1
DsecMITE_2
BARIIDM   ACATACGTTGTTTCGCAAAACGATTGAGATCACACCAACCACAAAAACAAAACGCTTTCGATTTGCGTTGGAATATGTTAA
DsecMITE_1
DsecMITE_2
BARIIDM   GAAGCCTCTTGACTTTTGGTTTAAATTTTATGGACTGATGAGTCTGCATTTTCAGTACCAGGGGTCATACAGCAAGCATT
DsecMITE_1
DsecMITE_2
BARIIDM   TTATGCATTTGAAAAATAAATCAAAAGCATTGGCAGCCCAGCCAACCAATAGATTTGGTGGGGGCACAGTCATGTTTGG
DsecMITE_1
DsecMITE_2
BARIIDM   GGATGTCCTTCCATTATGGATTGCGAGACTTGGTACCAGTAGAAGGAACTTTAAATCAGAACGGATACCTTCTTATCTT
DsecMITE_1
DsecMITE_2
BARIIDM   AAACAACCATGCTTTTACGCTCTGAAATAGACTTTTTCCAACCTACTGAATGGATTCTTCAGCAGGACAATGCTCCATGCC
DsecMITE_1
DsecMITE_2
BARIIDM   ATAAGGGTAGGATACCAACAAAATTTTAAACGACCTTAATCTGGCGGTCTTCCGTGGCCCCCAAGCCCAGACCTT
DsecMITE_1
DsecMITE_2
BARIIDM   AATATCATTTGAAAACGTTTGGGCTTTTATTA AAAACCAACGAAC TATTGATAAAAATAGAAAACGAGAGGGAGCCATCAT
DsecMITE_1
DsecMITE_2
BARIIDM   TGAATAGCGGAGATTTGGTCCAATTGACATTAGAATTTGCACAAACTTTGGTAAGGTCAATACCAAAAAGACTTCAAG
DsecMITE_1
DsecMITE_2
BARIIDM   CAGTTATTGATGCCAAAGGTGGTGTACAAAATATTAGTATTGTATTTATATAAAAATAAGAAATCTTATGTTGAAATT
DsecMITE_1
DsecMITE_2

```



em *D. sechellia* são classificados em duas subfamílias, que se diferenciam por três substituições diagnósticas, duas transições e uma transversão nos nucleotídeos 5, 6 e 7 (Figura 15 e 16).

Na relação entre as cópias, a origem a partir da *master* é sustentada pelo tempo estimado de origem de ambos os grupos a partir da sequência consenso, que foi de 0,065 milhões de anos no primeiro grupo e 0,053 milhões de anos para o segundo (Tabela 9; Apêndices AQ e AR). A topologia encontrada é concordante com os tempos estimados, apresentando vários ramos de comprimentos similares e de diversas sequências se concentrando no nó central, resultado de transposição muito recente, não havendo ainda tempo para a diferenciação entre as cópias.



**FIGURA 16** – Network dos MITEs identificados em *D. sechellia*. Os números próximos aos ramos indicam os sítios das mutações. As cores distintas, verde e azul, indicam as subfamílias MITE1 e MITE2.

Para a mobilização dos elementos de classe II, como o *Bari*, o qual as TIRs apresentam alta similaridade com os MITEs encontrados, as transposases reconhecem e se ligam a sequências presentes nas TIRs e promovem a transposição dessas sequências. As inserções do elemento *Bari* em *D. sechellia* não apresentam sua ORF íntegra, de modo que

não são capazes de codificar a proteína responsável por sua transposição e, consequentemente, dos MITEs. A mobilização por transposases de elementos pouco relacionados tem sido observada em alguns MITEs de plantas. Em arroz, por exemplo, somente os MITEs da família *Stowaway* somam mais de 20.000 inserções dispersas no genoma. Singularmente, esse elemento não apresenta homologia com outros elementos desse genoma, sendo a similaridade a elementos *mariner-like* restrita às TIRs (FESCHOTTE, 2008). Dessa forma, esse autor propôs que a mobilização dos elementos *Stowaway* ocorre por meio da transposase codificada por esses elementos *mariner-like* pouco relacionados. Um mecanismo semelhante pode estar ocorrendo com os MITEs identificados em *D. sechellia*, visto a ausência de cópias do elemento *Bari* putativamente ativas e a provável recém mobilização desses elementos não autônomos. Essa relação entre as cópias ajusta-se a proposição de mobilização de cópias defectivas, desde que suas TIRs mantenham um estado de conservação que ainda propicie o reconhecimento por parte de transposases codificadas por elementos relacionados.

O aumento no número de cópias dos MITEs pode trazer duas consequências aos elementos autônomos: a saturação da transposase devido às inúmeras associações com sequências não autônomas e/ou o aumento da chance de induzir mecanismos de defesa do hospedeiro, como RNA de interferência, ou de si próprios. Ambas levam, eventualmente, a inativação ou eliminação da família do elemento (FESCHOTTE; PRITHAM, 2007).



## 6 DISCUSSÃO GERAL

Reconstruções evolutivas por meio de *networks* representam ferramentas apropriadas para a análise de elementos de transposição. Essa ferramenta, diferente dos métodos filogenéticos tradicionais, permite analisar sequências com baixa diversidade, bem como, inferir a origem de múltiplas cópias a partir de uma única sequência e a persistência de sequências ancestrais, ambas ocorrências geralmente presentes na evolução de sequências móveis. Adicionalmente, a introdução de vetores intermediários, proporcionada pelo algoritmo *median joining*, possibilita a representação de sequências não amostradas ou perdidas, evento possível no ciclo evolutivo dos elementos de transposição; ou, ainda, representam um estado ancestral de uma cópia, novamente, possível no caso dos elementos de transposição, visto que após a origem de uma nova cópia as sequências, mãe e filha, seguem caminhos evolutivos independentes (POSADA; CRANDALL, 2001; CORDAUX et al., 2004). Assim, o conjunto de possibilidades dessa ferramenta permite a representação do modelo de dispersão genômica dos elementos transponíveis e de suas relações de ancestralidade/descendência e, com isso, seu ajuste, ou não, aos modelos já propostos.

Nossos resultados indicam a ausência de um modelo único da dispersão tanto do transposon *Bari*, como do retrotransposon *412*, diferentemente do esperado, expansão sob o modelo *transposon*, no primeiro, e o *master* ou *intermediário*, no segundo, visto os mecanismos de mobilização de cada classe de elemento. A ausência de um modelo único ocorre tanto em espécies diferentes, como para os dois elementos nas seis espécies do grupo *melanogaster*, quanto em populações de uma mesma espécie, nesse caso, de forma mais conspícua, nas populações de *D. simulans* para o elemento *Bari*.

O caráter aleatório da dispersão do transposon *Bari* não foi confirmado, tendo esse elemento se dispersado nos genomas analisados, na maioria dos casos, sob o modelo *master* ou *intermediário*. Resultados semelhantes foram encontrados nas populações tanto de *D. melanogaster* quanto de *D. simulans*, nas quais apenas a população do Zimbábue apresentou uma topologia distinta, onde, apesar da existência da *master*, outras cópias contribuem de forma significativa para a origem de novas inserções. Apesar de sua origem africana, a rede reconstruída permite sugerir que as populações de *D. simulans* do continente africano, como a do Zimbábue, existentes atualmente, teriam sido originadas da dispersão de linhagens do leste africano, oriundas de Madagascar e das ilhas do Pacífico, há 120 mil anos (LACHAISE et al., 1988). Dessa forma, a população de Zimbábue seria resultante de uma recolonização. A mobilização via *cut-and-paste* requer um estado que conservação das TIRs

para que possam ser reconhecidas. Assim, toda cópia mobilizada, teoricamente, poderia originar sequências filhas com a mesma capacidade, visto que por esse mecanismo a cópia é excisada e reintegrada em outro local no genoma, sem, contudo, alterar a integridade da sequência gerada.

Sequências distintas da *master* contribuem significativamente para a expansão do retrotransposon 412, sobretudo em *D. sechellia* e *D. ananassae*. Na última, a coexistência de várias sequências *master* sugere uma tendência à formação de subfamílias. A ocorrência de subfamílias desse retrotransposon já foi reportada em populações naturais de *D. simulans*. As diferenças observadas para essa origem decorreriam de rearranjos entre cópias das duas primeiras ORFs, que contém sequências reguladoras (MUGNIER et al., 2005). A origem de novas sequências por meio de rearranjos pode, além de uma possível contribuição para a adaptação do organismo ao meio, também conferir um mecanismo que faz com que o elemento escape de forças de seleção do genoma hospedeiro. Contudo, a ocorrência de subfamílias não foi observada nas linhagens naturais de *D. melanogaster* e *D. simulans*.

Outros fatores, que não os mecanismos de transposição (*cut-and-paste* e *copy-and-paste*), como os silenciamentos pré e pós transcricionais promovidos por mecanismos epigenéticos e por RNA de interferência, respectivamente, atuariam diferencialmente nas cópias dos elementos em um mesmo genoma e poderiam interferir na aleatoriedade esperada, sobretudo, do transposon *Bari*, resultando na expansão a partir de apenas algumas cópias.

Além das relações evolutivas reconstruídas dos dois elementos em cada genoma, nossos resultados evidenciam a ocorrência de mecanismos evolutivos que moldam a distribuição dos elementos de transposição tanto dentro, como explosões de transposição, como entre espécies, tais como transferência lateral por introgressão e polimorfismo ancestral, relacionando, dessa forma, sequências de espécies diferentes.

A ocorrência de explosões recentes de transposição pode ser deduzida a partir das redes, de ambos os elementos, em diversas espécies (*D. melanogaster*, *D. erecta* e *D. yakuba*), nas populações analisadas e nos MITEs identificados em *D. sechellia*. Em todos esses casos, caracterizadas por múltiplas cópias semelhantes entre si ou com ramos curtos, partindo de uma mesma sequência. Assim, esses eventos parecem se caracterizar pela expansão a partir de uma única sequência, a *master*. Singularmente, em *D. melanogaster*, ambos os elementos analisados tanto no genoma, quanto nas populações naturais, posicionam-se sob essa perspectiva, de intensa e recente mobilização. Eventos similares têm sido reportados, *in silico*, para outros elementos no genoma de espécies subgrupo *melanogaster* (MARZO et al., 2008; YANG; BARBASH, 2008; LERAT et al., 2010).

A íntima relação entre as cópias do elemento *Bari* das populações naturais analisadas, bem como das espécies do complexo *melanogaster* na análise dos genomas, sugerem uma introdução relativamente recente desse elemento no genoma de *D. melanogaster*, que teria perdido ou não teria herdado, durante sua divergência, o elemento *Bari* existente no ancestral do complexo *melanogaster*. Assim, esse elemento teria permanecido na linhagem que originou *D. simulans* e *D. sechellia* e, durante o período de simpatria entre *D. simulans* e *D. melanogaster* no continente africano e antes da dispersão de ambas pelo mundo, esse transposon teria sido introduzido ou re-introduzido no genoma de *D. melanogaster*, apenas recentemente, provavelmente, por introgressão a partir de *D. simulans*. Eventos de introgressão envolvendo esse elemento entre essas espécies já foram reportados em análises *in silico* (LERAT et al., 2010), bem como entre linhagens de laboratório, contudo, nesse caso, a espécie introgridida foi *D. simulans* (DE LUCCA et al., 2007). Métodos semelhantes ao utilizado neste trabalho foram robustos na inferência de transferência horizontal do retrotransposon *micropia* e *gypsy* entre espécies do gênero *Zaprionus* e do subgrupo *melanogaster* (DE SETTA et al., 2009).

Por outro lado, a relação mais próxima entre cópias do retrotransposon 412 de espécies de complexos distintos (complexo *erecta* e *melanogaster*, e *yakuba* e *melanogaster*) do que entre cópias da mesma espécie (*D. yakuba* e *D. erecta*), sugere a existência de sequências polimórficas no ancestral do subgrupo *melanogaster* e a herança estocástica das mesmas pelas espécies. A proposição de herança vertical é fortalecida pelas relações entre as cópias das populações naturais, onde os agrupamentos formados são, em sua maioria, específicos, exceto por duas cópias de *D. melanogaster*, que seriam remanescentes de cópias do ancestral.

Os resultados obtidos, tanto *in silico*, quanto *in vivo*, sobretudo para o retrotransposon 412, reforçam as diferenças existentes entre as espécies irmãs *D. melanogaster* e *D. simulans*. O genoma de ambas as espécies mantém ou elimina os elementos de transposição de forma distinta: enquanto que em *D. melanogaster* cópias antigas ou degeneradas são praticamente ausentes, em *D. simulans*, essas existem e correspondem a uma grande parcela das cópias encontradas. Possivelmente, o genoma de *D. melanogaster* eliminaria mais eficientemente as cópias remanescentes das linhagens ancestrais, congruente com as poucas sequências antigas (relacionadas com cópias de outras espécies) encontradas, enquanto que o de *D. simulans*, suportaria essas sequências ou o processo de degradação seria mais lento.

Nossos resultados corroboram a hipótese de que a evolução dos elementos de transposição ao longo do tempo difere em *D. melanogaster* e *D. simulans*. Assim, *D. simulans* parece inativar seus TEs por meio de deleções internas, o que explicaria o maior número de cópias degradadas detectadas em análises *in silico* realizadas neste trabalho e por Lerat et al. (2010), e *D. melanogaster* teria uma dinâmica de controle diferente, além de ser mais propensa a invasões por TEs que sua espécie irmã (LERAT et al., 2010). Essas diferenças podem ser resultado de características específicas do genoma, tais como taxas de mobilização ou de regulação específicas, como também, de taxas de substituição e de degradação (*indels*) distintas, além de diferenças ecológicas ou de tamanho efetivo da população.



## 7 CONCLUSÕES

Os resultados obtidos nesta Dissertação permitem formular algumas hipóteses no que concerne à expansão dos elementos de transposição da classe I com LTRs e da classe II:

1 – Um único modelo para a expansão genômica é inaplicável, tanto dos elementos da classe I quanto para os de classe II, em espécies distintas, neste caso, para as do grupo *melanogaster*;

2 – A inaplicabilidade de um modelo único de expansão se aplica também para populações distintas de uma mesma espécie;

3 – Os principais mecanismos evolutivos que moldam a distribuição dos elementos de transposição foram evidenciados para os elementos *Bari* e *412*, como explosões de transposição, transferência lateral por introgressão e polimorfismo ancestral;

4 – As cópias do transposon *Bari* encontradas em *D. melanogaster*, tanto no genoma quanto nas populações, seriam resultado de eventos de hibridização dessa com *D. simulans*, provavelmente, entre 120 e 9 mil anos atrás, período em que essas viveram em simpatria no continente africano, antes da dispersão pelo mundo;

5 – Polimorfismo ancestral foi sugerido para o grupo *melanogaster*, no qual sequências do transposon *Bari* das espécies do complexo *melanogaster* (*D. melanogaster*, *D. simulans* e *D. sechellia*) e do complexo *erecta* (*D. erecta*), ligam-se a diferentes grupos de sequências de *D. ananassae* (complexo *ananassae*), a espécie mais basal;

6 – As cópias do retrotransposon *412* teriam sido transmitidas verticalmente a partir de um ancestral do subgrupo *melanogaster*, no qual eram polimórficas, e teriam sido herdadas, em um tempo recente, e sofrido um processo de expansão, sobretudo em *D. melanogaster*;

7 – Apenas *D. sechellia* apresenta sequências MITE-like, possivelmente derivadas do transposon *Bari*.

---

**REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALMEIDA, L. M.; CARARETO, C. M. A. *Origem, Proliferação e Extinção de Elementos Transponíveis: Qual Seria a Importância da Transferência Horizontal na Manutenção desse Ciclo?*: Sociedade Brasileira de Genética, 2005.
- ALTSCHUL, S. F. et al. Basic Local Alignment search tool. *Journal of Molecular Biology*, v. 215, p. 403-410, 1990.
- BANDELT, H. et al. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, v. 16, p. 37-48, 1999.
- BOWEN, N.; MCDONALD, J. *Drosophila* euchromatic LTR retrotransposons are much younger than the host species in which they reside. *Genome Research*, v. 11, p. 1527-1540, 2001.
- BRITTEN, R. et al. Sources and Evolution of Human *ALU* repeated sequences. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, v. 85, p. 4770-4774, 1988.
- BROOKFIELD, J.; JOHNSON, L. The evolution of mobile DNAs: When will transposons create Phylogenies that look as if there is a *master* gene? *Genetics*, v. 173, p. 1115-1123, 2006.
- CAGGESE, C. et al. The Distribution of the Transposable Element BARI-1 in the *Drosophila melanogaster* and *Drosophila simulans* genomes. *Genetica*, v. 3, p. 269-283, 1995.
- CAIZZI, R. et al. BARI-1, a new transposon-like family in *Drosophila melanogaster* with a unique heterochromatic organization. *Genetics*, v. 133, p. 335-345, 1993.
- CELNIKER et al. Finishing a whole-genome shotgun: Release 3 of the *Drosophila melanogaster* euchromatic genome sequence. *Genome Biology*, v. 3, 2002.
- CIZERON, G. et al. Distribution of the retrotransposable element *412* in *Drosophila* species. *Molecular Biology and Evolution*, v. 15, p. 1589-1599, 1998.
- CORDAUX, R. et al. Retrotransposition of *Alu* elements: how many sources? *Trends in Genetics*, v. 20, p. 464-467, 2004.

- 
- DE LUCCA, M. et al. Distribution of the Bari-I transposable element in stable hybrid strains between *Drosophila melanogaster* and *Drosophila simulans* and in Brazilian populations of these species. *Genetics and Molecular Biology*, v. 30, p. 676-680, 2007.
- DE SETTA, N. et al. Multiple invasions of *Gypsy* and *Microsia* retroelements in genus *Zaprionus* and *melanogaster* subgroup of the genus *Drosophila*. *Bmc Evolutionary Biology*, doi:10.1186/1471-2148-9-279, 2009.
- DEININGER, P. et al. *master* genes in mammalian repetitive DNA amplification. *Trends in Genetics*, v. 8, p. 307-311, 1992.
- DROSOPHILA 12 GENOMES CONSORTIUM. Evolution of genes and genomes on the *Drosophila* phylogeny. *Nature*, v. 450, p. 203-218, 2007.
- EDGAR, R. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Research*, v. 32, p. 1792-1797, 2004.
- FESCHOTTE, C. Transposable elements and the evolution of regulatory networks. *Nature Reviews Genetics*, v. 9, p. 397-405, 2008.
- FESCHOTTE, C. et al. Plant transposable elements: Where genetics meets genomics. *Nature Reviews Genetics*, v. 3, p. 329-341, 2002.
- FESCHOTTE, C.; MOUCHES, C. Evidence that a family of miniature inverted-repeat transposable elements (MITEs) from the *Arabidopsis thaliana* genome has arisen from a pogo-like DNA transposon. *Molecular Biology and Evolution*, v. 17, p. 730-737, 2000.
- FESCHOTTE, C.; PRITHAM, E. J. DNA transposons and the evolution of eukaryotic genomes. *Annual Review of Genetics*, v. 41, p. 331-368, 2007.
- FINNEGAN, D. J. et al. Repeated gene families in *Drosophila melanogaster*. *Cold Spring Harb. Symp. Quant. Biol.*, v. 42, p. 1053-1064, 1978.
- FINNEGAN, D. J. Eukaryotic transposable elements and evolution genome. *Trends in Genetics*, v. 5, p. 103-107, 1989.
- GONZALEZ, J. et al. High Rate of Recent Transposable Element-Induced Adaptation in *Drosophila melanogaster*. *Plos Biology*, v. 6, p. 2109-2129, 2008.

- \_\_\_\_\_. A Recent Adaptive Transposable Element Insertion Near Highly Conserved Developmental Loci in *Drosophila melanogaster*. *Molecular Biology and Evolution*, v. 26, p. 1949-1961, 2009.
- GONZALEZ, J.; PETROV, D. MITEs-The Ultimate Parasites. *Science*, v. 325, p. 1352-1353, 2009.
- GONZALEZ, J.; PETROV, D. A. The adaptive role of transposable elements in the *Drosophila* genome. *Gene*, v. 448, p. 124-133, 2009.
- HAN, M. et al. Burst expansion, distribution and diversification of MITEs in the silkworm genome. *Bmc Genomics*, doi:10.1186/1471-2164-11-520, 2010.
- HARDIES, S. et al. An analysis of replacement and synonymous changes in the rodent L1 repeat family. *Molecular Biology and Evolution*, v. 3, p. 109-125, 1986.
- HUA-VAN, A. et al. Abundance, distribution and dynamics of retrotransposable elements and transposons: similarities and differences. *Cytogenetic and Genome Research*, v. 110, p. 426-440, 2005.
- HUGHES, J. F.; COFFIN, J. M. Human Endogenous Retroviral Elements as Indicators of Ectopic Recombination Events in the Primate Genome. *Genetics*, v. 171, p.1183-1194, 2005.
- JOWETT, T. Preparation of nucleic acids. In: ROBERTS, D. B. *Drosophila: A Practical Approach*. Oxford, IRL Press, v. 335, p. 275-277, 1986.
- JURKA, J. et al. Repetitive sequences in complex genomes: Structure and evolution. *Annual Review of Genomics and Human Genetics*, v. 8, p. 241-259, 2007.
- KIMURA M. A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution*, v. 16, p. 111-120, 1980.
- LACHAISE et al., Historical biogeography of the *Drosophila melanogaster* species subgroup. *Evolutionary Biology*, v. 22, p. 159-225, 1988.
- LACHAISE, D.; SILVAIN, J. How two Afrotropical endemics made two cosmopolitan human commensals: the *Drosophila melanogaster* - *D. simulans* palaeogeographic riddle. *Genetica*, v. 120, p. 17-39, 2004.

LERAT, E et al., Comparative analysis of transposable elements in the melanogaster subgroup sequenced genomes. *Gene*, DOI: 10.1016/j.gene.2010.11.009, 2010.

LIBRADO, P.; ROZAS, J. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, v. 25, p. 1451-1452, 2009.

MARSANO, R. et al. Organization and possible origin of the Bari-1 cluster in the heterochromatic h39 region of *Drosophila melanogaster*. *Genetica*, v. 117, p. 281-289, 2003.

MARZO, M. et al. The Foldback-like element *Galileo* belongs to the *P* superfamily of DNA transposons and is widespread within the *Drosophila* genus. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, v. 105, p. 2957-2962, 2008.

MATERA, A. et al. Recently transposed ALU repeats result from multiple source genes. *Nucleic Acids Research*, v. 18, p. 6019-6023, 1990.

MIGHELL, A. et al. *Alu* sequences. *Febs Letters*, v. 417, p. 1-5, 1997.

MORAN, J. V.; GILBERT, N. Mammalian LINE-1 Retrotransposons and Related Elements. In: CRAIG, N. et al (Ed.). *Mobile DNA II*. Washington: AMS Press, 2002.

MOSCHETTI, R. et al. Intra- and interspecies variation among Bari-1 elements of the *melanogaster* species group. *Genetics*, v. 150, p. 239-250, 1998.

\_\_\_\_\_. Conserved motifs and dynamic aspects of the terminal inverted repeat organization within Bari-like transposons. *Molecular Genetics and Genomics*, v. 279, p. 451-461, 2008.

MUGNIER, N. et al. New regulatory regions of *Drosophila 412* retrotransposable element generated by recombination. *Molecular Biology and Evolution*, v. 22, p. 747-757, 2005.

\_\_\_\_\_. The heterochromatic copies of the LTR retrotransposons as a record of the genomic events that have shaped the *Drosophila melanogaster* genome. *Gene*, v. 411, p. 87-93, 2008.

NEI, M; GOJOBORI, T. Simple methods for estimating the numbers of synonymous and nonsynonymous nucleotide substitutions. *Molecular Biology and Evolution*, v. 3, p. 418-426, 1986.

PETROV, D. et al. Pseudogene evolution in *Drosophila* suggests a high rate of DNA loss. *Molecular Biology and Evolution*, v. 15, p. 1562-1567, 1998.

- PLASTERK, R. H. A.; VAN LUENEN, H. G. A. M. The Tc1/*mariner* Family of Transposable Elements. In: GRAIG, N. *et al* (Ed.). *Mobile DNA II*. Washington: AMS Press, 2002.
- POSADA, D.; CRANDALL, K. Intraspecific gene genealogies: trees grafting into networks. *Trends in Ecology & Evolution*, v. 16, p. 37-45, 2001.
- SANCHEZ-GRACIA, A. *et al*. High rate of horizontal transfer of transposable elements in *Drosophila*. *Trends in Genetics*, v. 21, p. 200-203, 2005.
- SHEN, M. *et al*. Evolution of the mastes *ALU* gene(s). *Journal of Molecular Evolution*, v. 33, p. 311-320, 1991.
- \_\_\_\_\_. BC1 RNA, the transcript from a *master* gene for ID element amplification, is able to prime its own reverse transcription. *Nucleic Acids Research*, v. 25, p. 1641-1648, 1997.
- SLAGEL, V. *et al*. Clustering and subfamily relationships of the *ALU* family in the Human genome. *Molecular Biology and Evolution*, v. 4, p. 19-29, 1987.
- SMITH, C. The release 5.1 annotation of *Drosophila melanogaster* heterochromatin. *Science*, v. 316, p. 1325-1325, 2007.
- STYLES, P.; BROOKFIELD, J. Analysis of the features and source gene composition of the *AluYg6* subfamily of human retrotransposons. *Bmc Evolutionary Biology*, doi:10.1186/1471-2148-7-102, 2007.
- \_\_\_\_\_. Source gene composition and gene conversion of the *AluYh* and *AluYi* lineages of retrotransposons. *Bmc Evolutionary Biology*, doi:10.1186/1471-2148-9-102, 2009.
- TAMURA, K. *et al*. MEGA4: Molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution*, v. 24, p. 1596-1599, 2007.
- \_\_\_\_\_. Temporal patterns of fruit fly (*Drosophila*) evolution revealed by mutation clocks. *Molecular Biology and Evolution*, v. 21, p. 36-44, 2004.
- TATUSOV, T.; TATUSOV, R. ORF Finder (Open Reading Frame Finder).

VANDERGON, T.; REITMAN, M. Evolution of chicken repeat-1 (CR-1) elements - evidence for ancient subfamilies and multiple progenitors. *Molecular Biology and Evolution*, v. 11, p. 886-898, 1994.

WICKER, T. et al. A unified classification system for eukaryotic transposable elements. *Nature Reviews Genetics*, v. 8, p. 973-982, 2007.

XIA, X.; XIE, Z. DAMBE: Software package for data analysis in molecular biology and evolution. *Journal of Heredity*, v. 92, p. 371-373, 2001.

YANG, H.; BARBASH, D. Abundant and species-specific DINE-1 transposable elements in 12 *Drosophila* genomes. *Genome Biology*, doi:10.1186/gb-2008-9-2-r39, 2008.

ZERJAL, T. et al. Contrasting evolutionary patterns and target specificities among three *Tourist*-like MITE families in the maize genome. *Plant Molecular Biology*, v. 71, p. 99-114, 2009.



## APÊNDICE A – TABELA 1

**TABELA 1** – Espécies analisadas e versões dos genomas sequenciados de *Drosophila* utilizadas (Flybase, <http://flybase.org/>).

| <b>Espécie</b>         | <b>Genoma completo</b> |         | <b>Genes Preditos</b> |         |
|------------------------|------------------------|---------|-----------------------|---------|
| <i>D. melanogaster</i> | 5.18                   | 2009_05 | 5.31                  | 2010_08 |
| <i>D. simulans</i>     | 1.3                    | 2009_06 | 1.3                   | 2010_07 |
| <i>D. sechellia</i>    | 1.3                    | 2009_06 | 1.3                   | 2010_05 |
| <i>D. erecta</i>       | 1.3                    | 2009_06 | 1.3                   | 2010_07 |
| <i>D. yakuba</i>       | 1.3                    | 2009_06 | 1.3                   | 2010_02 |
| <i>D. ananassae</i>    | 1.3                    | 2009_06 | 1.3                   | 2010_03 |

## APÊNDICE B – TABELA 2

**TABELA 2** – Sequências do transposon *Bari* anotadas no genoma das espécies do grupo *melanogaster*.

| <b>Sequência<sup>1,2</sup></b> | <b>Cromossomo/scaffold</b> | <b>Início</b> | <b>Término</b> | <b>Leitura<sup>3</sup></b> | <b>Tamanho</b> |
|--------------------------------|----------------------------|---------------|----------------|----------------------------|----------------|
| me1c                           | 2L                         | 772243        | 770516         | -                          | 1728           |
| me2c                           | 2RHet                      | 1422687       | 1424414        | +                          | 1728           |
| me3c                           | 2R                         | 14747524      | 14745796       | -                          | 1729           |
| me4c                           | 3R                         | 14962847      | 14964586       | +                          | 1740           |
| me5c                           | 3R                         | 19385900      | 19384173       | -                          | 1728           |
| me6c                           | 4                          | 860624        | 862351         | +                          | 1728           |
| me7                            | Uextra                     | 10665300      | 10664911       | -                          | 390            |
| me8                            | Uextra                     | 10665667      | 10665301       | -                          | 367            |
| me9                            | Uextra                     | 11209850      | 11210600       | +                          | 751            |
| me10                           | Uextra                     | 11519845      | 11520515       | +                          | 671            |
| me11                           | Uextra                     | 11520516      | 11520592       | +                          | 77             |
| me12                           | Uextra                     | 11977824      | 11978371       | +                          | 548            |
| me13                           | Uextra                     | 11978372      | 11978566       | +                          | 195            |
| me14                           | Uextra                     | 13123277      | 13122546       | -                          | 732            |
| me15                           | Uextra                     | 13131595      | 13131057       | -                          | 539            |
| me16                           | Uextra                     | 13367188      | 13366711       | -                          | 478            |
| me17                           | Uextra                     | 13423083      | 13423676       | +                          | 594            |
| me18                           | Uextra                     | 13423677      | 13423811       | +                          | 135            |
| me19                           | Uextra                     | 1435769       | 1435230        | -                          | 540            |
| me20                           | Uextra                     | 14441342      | 14440759       | -                          | 584            |
| me21                           | Uextra                     | 14441479      | 14441343       | -                          | 137            |
| me22                           | Uextra                     | 1449979       | 1449533        | -                          | 447            |
| me23                           | Uextra                     | 1450673       | 1449975        | -                          | 699            |
| me24                           | Uextra                     | 14870677      | 14870786       | +                          | 110            |
| me25                           | Uextra                     | 14870787      | 14871393       | +                          | 607            |
| me26                           | Uextra                     | 15029910      | 15030423       | +                          | 514            |
| me27                           | Uextra                     | 15030424      | 15030625       | +                          | 202            |
| me28                           | Uextra                     | 15079988      | 15079686       | -                          | 303            |
| me29                           | Uextra                     | 15080401      | 15079989       | -                          | 413            |
| me30                           | Uextra                     | 15458262      | 15458746       | +                          | 485            |
| me31                           | Uextra                     | 15458747      | 15458974       | +                          | 228            |
| me32                           | Uextra                     | 15481839      | 15482280       | +                          | 442            |
| me33                           | Uextra                     | 15482281      | 15482551       | +                          | 271            |
| me34                           | Uextra                     | 16410796      | 16410091       | -                          | 706            |
| me35                           | Uextra                     | 1709664       | 1709364        | -                          | 301            |
| me36                           | Uextra                     | 1710461       | 1709665        | -                          | 797            |
| me37                           | Uextra                     | 17459447      | 17458756       | -                          | 692            |
| me38                           | Uextra                     | 1793952       | 1792894        | -                          | 1059           |
| me39                           | Uextra                     | 20150535      | 20150842       | +                          | 308            |

|       |               |          |          |   |      |
|-------|---------------|----------|----------|---|------|
| me40  | Uextra        | 24933539 | 24933759 | + | 221  |
| me41  | Uextra        | 24933760 | 24934172 | + | 413  |
| me42  | Uextra        | 27070291 | 27069701 | - | 591  |
| me43  | Uextra        | 27071083 | 27071673 | + | 591  |
| me44  | Uextra        | 2725990  | 2724998  | - | 993  |
| me45  | Uextra        | 2803757  | 2806661  | + | 2905 |
| me46  | Uextra        | 2804672  | 2804753  | + | 82   |
| me47  | Uextra        | 2905754  | 2906347  | + | 594  |
| me48  | Uextra        | 2906348  | 2906738  | + | 391  |
| me49  | Uextra        | 7703633  | 7703954  | + | 322  |
| me50  | Uextra        | 7703955  | 7704442  | + | 488  |
| me51  | Uextra        | 8390489  | 8389696  | - | 794  |
| me52  | Uextra        | 8528909  | 8529131  | + | 223  |
| me53  | Uextra        | 8529132  | 8529699  | + | 568  |
| me54  | Uextra        | 8994311  | 8993530  | + | 782  |
| me55  | Uextra        | 9234536  | 9233842  | - | 695  |
| me56  | Uextra        | 9234619  | 9234537  | - | 83   |
| me57  | Uextra        | 9568203  | 9567431  | - | 773  |
| me58  | U             | 3228387  | 3228050  | - | 338  |
| me59  | U             | 3228686  | 3228188  | - | 499  |
| me60c | U             | 3230414  | 3228687  | - | 1728 |
| me61  | U             | 4472759  | 4473255  | + | 497  |
| me62c | U             | 4473256  | 4474983  | + | 1728 |
| me63c | U             | 4474980  | 4476704  | + | 1725 |
| me64c | U             | 6565542  | 6567170  | + | 1629 |
| me65  | U             | 7168045  | 7168541  | + | 497  |
| me66c | U             | 7168542  | 7170231  | + | 1690 |
| me67  | U             | 7170232  | 7170671  | + | 440  |
| me68  | U             | 8896483  | 8895926  | - | 558  |
| si1   | 2L            | 3184308  | 3185843  | + | 1536 |
| si2   | 2R            | 7166209  | 7166437  | - | 229  |
| *si3c | 2R            | 7167435  | 7170162  | - | 1728 |
| si4   | 3L            | 16492220 | 16493142 | + | 923  |
| si5   | 3L            | 16493618 | 16494398 | + | 781  |
| si6   | chr2R_random  | 1124174  | 1124613  | + | 440  |
| si7   | chrU_M_702    | 4032     | 4551     | + | 520  |
| si8c  | X             | 3123384  | 3126111  | + | 1728 |
| si9   | X_Mrandom_230 | 1568483  | 1568750  | + | 268  |
| se1   | 18            | 549175   | 550721   | + | 1547 |
| se2   | 2264          | 3490     | 1892     | - | 1599 |
| *se3c | 3             | 1794315  | 1796041  | + | 1727 |
| se4c  | 493           | 8176     | 6448     | - | 1729 |
| se5   | 11354         | 1278     | 1085     | - | 194  |
| se6   | 10537         | 503      | 1        | - | 503  |

Continuação TABELA 2

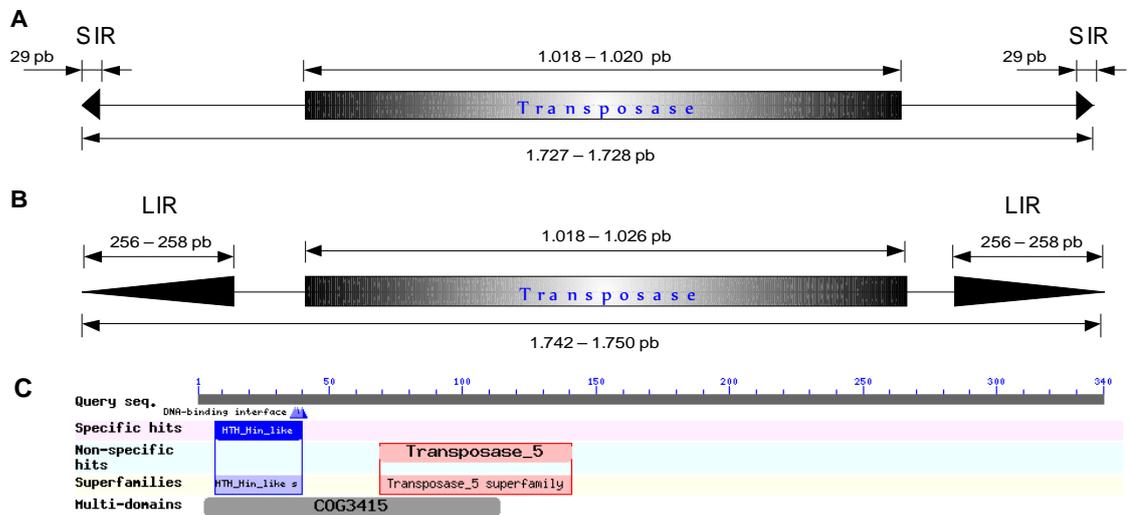
|       |      |          |          |   |      |
|-------|------|----------|----------|---|------|
| se7   | 1439 | 5636     | 6151     | + | 516  |
| er1   | 1434 | 6740     | 6581     | - | 160  |
| er2c  | 4512 | 1132151  | 1130545  | - | 1607 |
| *er3c | 4512 | 25186    | 26930    | + | 1745 |
| er4   | 4512 | 50929    | 51181    | + | 253  |
| er5   | 4512 | 72715    | 73024    | + | 310  |
| er6   | 4512 | 73090    | 73499    | + | 410  |
| er7   | 4512 | 801817   | 801016   | - | 802  |
| er8   | 4512 | 802268   | 801824   | - | 445  |
| er9   | 4512 | 922356   | 923892   | + | 1537 |
| er10  | 4512 | 923894   | 924128   | + | 235  |
| er11  | 4685 | 18594    | 18745    | + | 152  |
| er12  | 4685 | 18809    | 20179    | + | 1371 |
| er13  | 4690 | 18216099 | 18215977 | - | 123  |
| er14  | 4751 | 3473     | 4438     | + | 966  |
| er15  | 4770 | 236965   | 236658   | - | 308  |
| er16  | 4770 | 237478   | 236961   | - | 518  |
| er17  | 4770 | 237851   | 237542   | - | 310  |
| er18c | 4784 | 25130383 | 25132055 | + | 1673 |
| er19  | 4784 | 25313136 | 25314188 | + | 1053 |
| er20c | 4845 | 1047085  | 1045363  | - | 1723 |
| er21c | 4845 | 2177040  | 2178757  | + | 1718 |
| er22  | 4929 | 21104186 | 21102632 | - | 1555 |
| er23  | 4929 | 21517482 | 21518788 | + | 1307 |
| er24  | 4929 | 21885122 | 21884626 | - | 497  |
| er25  | 4929 | 21963750 | 21963441 | - | 310  |
| er26  | 4929 | 22071862 | 22071128 | - | 735  |
| er27  | 4929 | 22072270 | 22071861 | - | 410  |
| er28  | 4929 | 22072643 | 22072334 | - | 310  |
| er29  | 4929 | 22231369 | 22230999 | - | 371  |
| er30  | 4929 | 22231929 | 22231372 | - | 558  |
| er31  | 4929 | 22232302 | 22231993 | - | 310  |
| er32  | 4929 | 22346861 | 22347416 | + | 556  |
| er33  | 4929 | 22348014 | 22348658 | + | 645  |
| er34  | 4929 | 22581544 | 22581754 | + | 211  |
| er35  | 4929 | 22652841 | 22652980 | + | 140  |
| er36c | 4929 | 23035279 | 23033646 | - | 1634 |
| er37  | 4929 | 23345359 | 23345633 | + | 275  |
| er38  | 4929 | 23488204 | 23488514 | + | 311  |
| er39  | 4929 | 23488515 | 23489849 | + | 1335 |
| er40c | 4929 | 23829773 | 23831504 | + | 1732 |
| er41  | 4929 | 23854010 | 23853822 | - | 189  |

Continuação TABELA 2

|       |       |          |          |   |      |
|-------|-------|----------|----------|---|------|
| er42  | 4929  | 24994704 | 24994236 | - | 469  |
| er43  | 4929  | 25471927 | 25471691 | - | 237  |
| er44  | 4929  | 26150048 | 26151620 | + | 1573 |
| er45  | 4929  | 26290392 | 26288793 | - | 1600 |
| an1   | 10217 | 4671     | 6283     | + | 1613 |
| an2c  | 12905 | 319215   | 320944   | + | 1730 |
| an3   | 12905 | 319471   | 319215   | - | 257  |
| an4   | 12911 | 1303614  | 1305111  | + | 1498 |
| an5   | 12947 | 1564007  | 1563786  | - | 222  |
| an6   | 12947 | 355238   | 354883   | - | 356  |
| an7   | 12947 | 358142   | 356851   | - | 1062 |
| an8   | 12948 | 557745   | 558137   | + | 393  |
| *an9c | 13089 | 175993   | 174252   | - | 1742 |
| an10  | 13089 | 175993   | 175538   | - | 456  |
| an11  | 13099 | 2901122  | 2901411  | + | 290  |
| an12c | 13099 | 2901122  | 2902767  | + | 1646 |
| an13  | 13165 | 172472   | 172214   | - | 259  |
| an14  | 13228 | 64784    | 63602    | - | 1183 |
| an15  | 13228 | 65709    | 65926    | + | 218  |
| an16  | 13239 | 113960   | 114214   | + | 255  |
| an17  | 13239 | 189897   | 190152   | + | 256  |
| an18  | 13250 | 3350976  | 3349783  | - | 1194 |
| an19  | 13250 | 3351690  | 3351882  | + | 193  |
| an20  | 13250 | 3352613  | 3352745  | + | 133  |
| an21  | 13272 | 225159   | 226378   | + | 1220 |
| an22  | 13272 | 485925   | 486448   | + | 524  |
| an23  | 13272 | 485925   | 487354   | + | 1430 |
| an24  | 13417 | 3346639  | 3345543  | - | 1097 |
| an25  | 13417 | 3346839  | 3346640  | - | 200  |
| an26  | 13417 | 3347395  | 3346640  | - | 756  |
| an27  | 13417 | 3347395  | 3346942  | - | 454  |
| an28c | 13417 | 3446828  | 3448554  | + | 1727 |
| an29  | 13417 | 3447391  | 3447590  | + | 200  |
| an30  | 13417 | 5681234  | 5682806  | + | 1573 |
| an31  | 13417 | 5681251  | 5681591  | + | 341  |
| an32  | 13417 | 6512628  | 6514179  | + | 1290 |
| an33  | 13469 | 309153   | 309406   | + | 254  |
| an34  | 13469 | 309406   | 307869   | - | 1538 |
| an35  | 13767 | 688855   | 687745   | - | 1111 |

<sup>1</sup>me = *D. melangogaster*, si = *D. simulans*; se = *D. sechellia*; er = *D. erecta*; an = *D. ananassae*; <sup>2</sup>A letra c junto ao nome da sequência indica as cópias que apresentam ambas TIRs; <sup>3</sup> + sense e - antisense; \* indicam as sequências referências.

APÊNDICE C – FIGURA 2



**FIGURA 2** – Estrutura das duas formas do elemento *Bari*. (A) TIRs com cerca de 28 pb (SIR<sup>1</sup>, do Inglês, Short Inverted Repeat); (B) TIRs com cerca de 256 pb (LIR<sup>1</sup>, do Inglês, Long Inverted Repeat); (C) Caracterização dos domínios protéicos da transposase do elemento consenso *Bari\_DM* de *D. melanogaster* (340 aa).

<sup>1</sup> Moschetti et al. (2008).

## APÊNDICE D – TABELA 3

**TABELA 3** – Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos (dS) da região da transposase das cópias do transposon *Bari* com tamanho maior 80% do tamanho total (1.020 pb) de *D. melanogaster*.

|           | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    |
|-----------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 1. me1c   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 2. me2c   | 0,000 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 3. me3c   | 0,000 | 0,000 |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 4. me4c   | 0,000 | 0,000 | 0,000 |       |       |       |       |       |       |       |
| 5. me5c   | 0,000 | 0,000 | 0,000 | 0,000 |       |       |       |       |       |       |
| 6. me6c   | 0,005 | 0,005 | 0,005 | 0,005 | 0,005 |       |       |       |       |       |
| 7. me60c  | 0,000 | 0,000 | 0,000 | 0,000 | 0,000 | 0,005 |       |       |       |       |
| 8. me62c  | 0,000 | 0,000 | 0,000 | 0,000 | 0,000 | 0,005 | 0,000 |       |       |       |
| 9. me63c  | 0,000 | 0,000 | 0,000 | 0,000 | 0,000 | 0,005 | 0,000 | 0,000 |       |       |
| 10. me64c | 0,000 | 0,000 | 0,000 | 0,000 | 0,000 | 0,005 | 0,000 | 0,000 | 0,000 |       |
| 11. me66c | 0,000 | 0,000 | 0,000 | 0,000 | 0,000 | 0,005 | 0,000 | 0,000 | 0,000 | 0,000 |

## APÊNDICE E – TABELA 4

**TABELA 4** – Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos da região da transposase das cópias do transposon *Bari* com tamanho maior 80% do tamanho total (1.020 pb) de *D. sechellia*.

|         | 1     | 2     | 3     |
|---------|-------|-------|-------|
| 1. se1  |       |       |       |
| 2. se2  | 0,010 |       |       |
| 3. se3c | 0,010 | 0,010 |       |
| 4. se4c | 0,005 | 0,005 | 0,005 |

## APÊNDICE F – TABELA 5

**TABELA 5** – Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos da região da transposase das cópias do transposon *Bari* com tamanho maior 80% do tamanho total (1.020 pb) de *D. erecta*.

|           | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14    |
|-----------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 1. er2c   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 2. er3c   | 0,037 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 3. er9    | 0,018 | 0,057 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 4. er12   | 0,031 | 0,063 | 0,044 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 5. er14   | 0,050 | 0,077 | 0,071 | 0,050 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 6. er18c  | 0,043 | 0,084 | 0,051 | 0,044 | 0,070 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 7. er20c  | 0,025 | 0,064 | 0,044 | 0,050 | 0,078 | 0,070 |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 8. er21c  | 0,025 | 0,064 | 0,044 | 0,050 | 0,077 | 0,077 | 0,025 |       |       |       |       |       |       |       |
| 9. er22   | 0,012 | 0,051 | 0,031 | 0,038 | 0,064 | 0,057 | 0,012 | 0,012 |       |       |       |       |       |       |
| 10. er23  | 0,012 | 0,051 | 0,025 | 0,038 | 0,051 | 0,051 | 0,038 | 0,038 | 0,025 |       |       |       |       |       |
| 11. er36c | 0,025 | 0,063 | 0,051 | 0,025 | 0,050 | 0,044 | 0,051 | 0,050 | 0,038 | 0,038 |       |       |       |       |
| 12. er39  | 0,037 | 0,077 | 0,057 | 0,025 | 0,064 | 0,057 | 0,064 | 0,064 | 0,050 | 0,051 | 0,037 |       |       |       |
| 13. er40c | 0,000 | 0,038 | 0,019 | 0,025 | 0,051 | 0,044 | 0,025 | 0,025 | 0,012 | 0,012 | 0,025 | 0,037 |       |       |
| 14. er44  | 0,024 | 0,037 | 0,031 | 0,050 | 0,064 | 0,070 | 0,050 | 0,050 | 0,038 | 0,038 | 0,050 | 0,063 | 0,025 |       |
| 15. er45  | 0,012 | 0,050 | 0,031 | 0,012 | 0,038 | 0,031 | 0,038 | 0,037 | 0,025 | 0,025 | 0,012 | 0,025 | 0,012 | 0,037 |

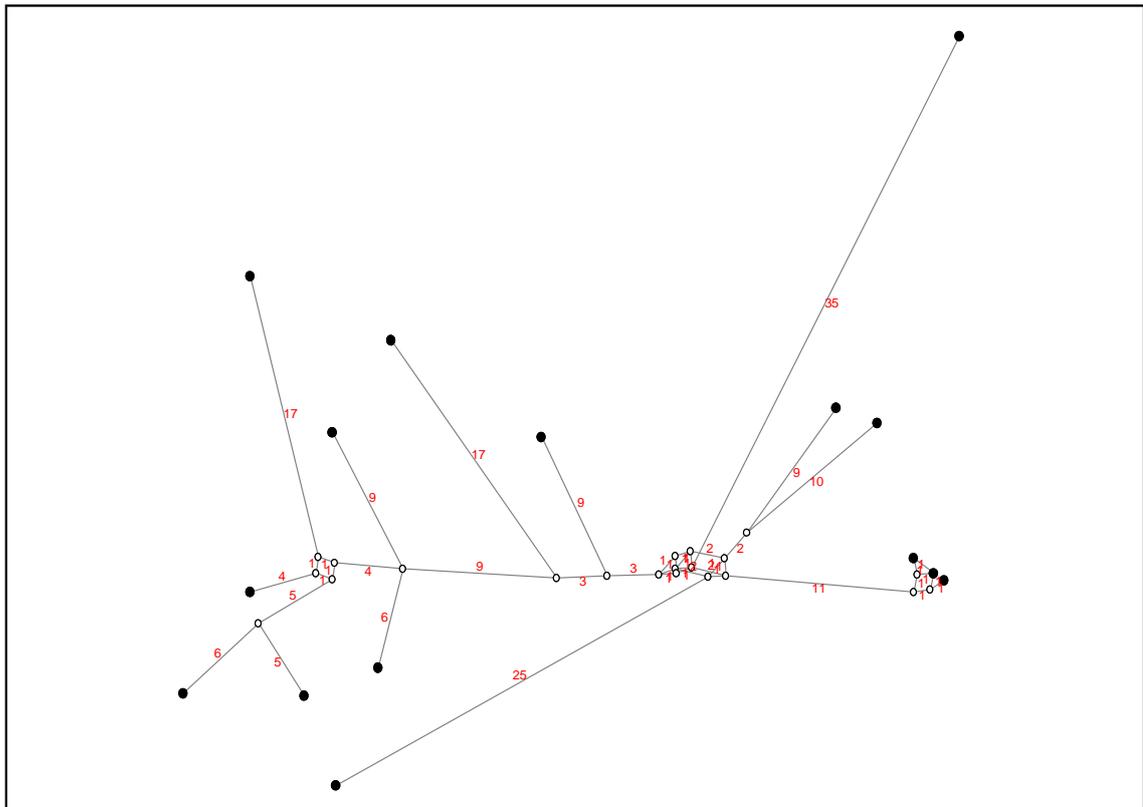
## APÊNDICE G – TABELA 6

**TABELA 6** – Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos da região da transposase das cópias do transposon *Bari* com tamanho maior 80% do tamanho total (1.020 pb) de *D. ananassae*.

|           | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14    |
|-----------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 1. an1    |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 2. an2c   | 0,051 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 3. an7    | 0,036 | 0,055 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 4. an4    | 0,083 | 0,094 | 0,083 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 5. an9c   | 0,027 | 0,065 | 0,046 | 0,094 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 6. an12c  | 0,069 | 0,089 | 0,069 | 0,119 | 0,079 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 7. an14   | 0,080 | 0,081 | 0,080 | 0,132 | 0,096 | 0,120 |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 8. an18   | 0,055 | 0,075 | 0,055 | 0,103 | 0,070 | 0,088 | 0,110 |       |       |       |       |       |       |       |
| 9. an21   | 0,041 | 0,046 | 0,046 | 0,115 | 0,056 | 0,099 | 0,091 | 0,085 |       |       |       |       |       |       |
| 10. an23  | 0,055 | 0,075 | 0,051 | 0,099 | 0,065 | 0,074 | 0,101 | 0,076 | 0,085 |       |       |       |       |       |
| 11. an24  | 0,031 | 0,050 | 0,031 | 0,081 | 0,041 | 0,063 | 0,079 | 0,050 | 0,059 | 0,045 |       |       |       |       |
| 12. an28c | 0,031 | 0,050 | 0,031 | 0,082 | 0,041 | 0,063 | 0,079 | 0,050 | 0,059 | 0,045 | 0,000 |       |       |       |
| 13. an30  | 0,080 | 0,085 | 0,084 | 0,153 | 0,095 | 0,119 | 0,132 | 0,115 | 0,056 | 0,126 | 0,098 | 0,098 |       |       |
| 14. an32  | 0,080 | 0,080 | 0,084 | 0,159 | 0,095 | 0,130 | 0,132 | 0,125 | 0,056 | 0,126 | 0,098 | 0,098 | 0,036 |       |
| 15. an34  | 0,041 | 0,060 | 0,041 | 0,072 | 0,050 | 0,073 | 0,089 | 0,059 | 0,069 | 0,055 | 0,009 | 0,009 | 0,109 | 0,109 |



## APÊNDICE I – FIGURA 4



**Figura 4** – Relações evolutivas entre as sequências *Bari* em *D. ananassae* reconstruídas pelo método Median Joining Network, contendo todos os sítios (557 pb), inclusive os hipervariáveis que contribuem para a formação de reticulações (exceto as deleções, que foram retiradas da matriz de alinhamento). Os círculos preenchidos correspondem às cópias do elemento em cada genoma, sendo o tamanho dos mesmos correspondente à frequência de cópias iguais. Os círculos vazios representam nós ancestrais ou sequências não amostradas. O comprimento dos ramos é proporcional ao número de eventos mutacionais ocorridos, indicados pelo número próximo ao ramo.



APÊNDICE L – TABELA 8

TABELA 8 - Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos de um fragmento da região da transposase das cópias do transposon *Bari* da população de Congo (ancestral) de *D. melanogaster*. Todas as posições contendo deleções foram excluídas, permanecendo 556 pb.

|         | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14    | 15    | 16    | 17    | 18    | 19    | 20    | 21    | 22    | 23    | 24    | 25    | 26    | 27    | 28    |
|---------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 1.2.2   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 2.2_3   | 0,008 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 3.2_4   | 0,016 | 0,008 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 4.2_5   | 0,008 | 0,0   | 0,008 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 5.2_6   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 6.2_7   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 7.2_8   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 8.2_9   | 0,016 | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,008 | 0,008 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 9.2_10  | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 10.2_11 | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 11.2_12 | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 12.2_13 | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 13.2_14 | 0,024 | 0,016 | 0,024 | 0,016 | 0,016 | 0,016 | 0,024 | 0,016 | 0,016 | 0,016 | 0,016 | 0,016 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 14.2_15 | 0,016 | 0,008 | 0,016 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,016 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,024 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 15.2_16 | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,016 | 0,008 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 16.2_17 | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,016 | 0,008 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 17.2_18 | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,016 | 0,008 | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 18.2_19 | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,016 | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 19.2_23 | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,016 | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 20.2_24 | 0,016 | 0,008 | 0,016 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,016 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,024 | 0,016 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 |
| 21.2_25 | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,016 | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 |
| 22.2_26 | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,016 | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 |
| 23.2_27 | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,016 | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 |
| 24.2_28 | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,016 | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 |
| 25.2_29 | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,016 | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 |
| 26.2_34 | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,016 | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 |
| 27.2_35 | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,016 | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 |
| 28.2_38 | 0,024 | 0,016 | 0,024 | 0,016 | 0,016 | 0,016 | 0,024 | 0,016 | 0,016 | 0,016 | 0,016 | 0,016 | 0,033 | 0,024 | 0,016 | 0,016 | 0,016 | 0,016 | 0,016 | 0,016 | 0,024 | 0,016 | 0,016 | 0,016 | 0,016 | 0,016 | 0,016 | 0,016 |
| 29.2_40 | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,016 | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 |



APÊNDICE N – TABELA 10

TABELA 10 - Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos de um fragmento da região da transposase das cópias do transposon *Bari* da população de Delhi (invasora antiga) de *D. melanogaster*. Todas as posições contendo deleções foram excluídas, permanecendo 584 pb.

|         | 1 | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14    | 15    | 16    | 17    | 18    | 19    | 20    | 21    | 22    | 23    | 24    | 25    | 26    | 27    | 28    | 29  | 30    |       |
|---------|---|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-----|-------|-------|
| 1-4_1   |   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |       |       |
| 2-4_2   |   | 0,015 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |       |       |
| 3-4_3   |   | 0,0   | 0,015 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |       |       |
| 4-4_4   |   | 0,0   | 0,015 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |       |       |
| 5-4_5   |   | 0,0   | 0,015 | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |       |       |
| 6-4_6   |   | 0,0   | 0,015 | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |       |       |
| 7-4_7   |   | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |       |       |
| 8-4_8   |   | 0,0   | 0,015 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |       |       |
| 9-4_9   |   | 0,008 | 0,023 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,015 | 0,008 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |       |       |
| 10-4_10 |   | 0,0   | 0,015 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |       |       |
| 11-4_11 |   | 0,0   | 0,015 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |       |       |
| 12-4_12 |   | 0,0   | 0,015 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |       |       |
| 13-4_13 |   | 0,0   | 0,015 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |       |       |
| 14-4_14 |   | 0,0   | 0,015 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |       |       |
| 15-4_15 |   | 0,008 | 0,023 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,015 | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |       |       |
| 16-4_16 |   | 0,0   | 0,015 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |       |       |
| 17-4_17 |   | 0,0   | 0,015 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |       |       |
| 18-4_18 |   | 0,0   | 0,015 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |       |       |
| 19-4_19 |   | 0,0   | 0,015 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |       |       |
| 20-4_20 |   | 0,0   | 0,015 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |       |       |
| 21-4_21 |   | 0,0   | 0,015 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |     |       |       |
| 22-4_23 |   | 0,0   | 0,015 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |     |       |       |
| 23-4_25 |   | 0,0   | 0,015 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |     |       |       |
| 24-4_26 |   | 0,008 | 0,023 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,015 | 0,008 | 0,015 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,015 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 |       |       |       |       |       |     |       |       |
| 25-4_27 |   | 0,008 | 0,023 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,015 | 0,008 | 0,015 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,015 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,015 |       |       |       |       |     |       |       |
| 26-4_29 |   | 0,0   | 0,015 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,008 |       |       |       |     |       |       |
| 27-4_30 |   | 0,0   | 0,015 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,008 | 0,0   |       |       |     |       |       |
| 28-4_31 |   | 0,0   | 0,015 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,008 | 0,0   | 0,0   |       |     |       |       |
| 29-4_32 |   | 0,008 | 0,023 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,015 | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,015 | 0,015 | 0,008 | 0,008 |       |     |       |       |
| 30-4_33 |   | 0,008 | 0,023 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,015 | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,015 | 0,015 | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,0 |       |       |
| 31-4_34 |   | 0,0   | 0,015 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,008 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0 | 0,008 | 0,008 |

APÊNDICE O – TABELA 11

TABELA 11 – Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos de um fragmento da região da transposase das cópias do transposon *Bari* da população de Congo (ancestral) de *D. melanogaster*. Todas as posições contendo deleções foram excluídas, permanecendo 556 pb.

|        | 1    | 2    | 3    | 4    | 5    | 6    | 7    | 8    | 9    | 10   | 11   | 12   | 13   | 14   | 15   | 16   | 17   | 18   | 19   | 20   | 21   | 22   | 23   | 24   | 25   | 26   | 27   | 28   |
|--------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|
| 1.9.1  |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 2.9.2  | 0,00 |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 3.9.3  | 0,00 | 0,0  |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 4.9.4  | 0,0  | 0,00 |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 5.9.5  | 0,0  | 0,00 | 0,00 |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 6.9.6  | 0,00 | 0,01 | 0,01 | 0,0  |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 7.9.7  | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,01 |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 8.9.8  | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,01 | 0,0  |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 9.9.9  | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,01 | 0,0  | 0,0  |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 10.9.1 | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 11.9.1 | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,01 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,00 |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 12.9.1 | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 13.9.1 | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,01 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,0  | 0,00 |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 14.9.1 | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,01 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,0  | 0,00 | 0,0  |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 15.9.1 | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,01 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,0  | 0,00 | 0,0  | 0,0  |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 16.9.1 | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,01 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,0  | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,0  |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 17.9.1 | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,01 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,0  | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 18.9.1 | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,01 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,0  | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 19.9.2 | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,01 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,0  | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |
| 20.9.2 | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 |
| 21.9.2 | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,01 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,0  | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  |
| 22.9.2 | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,01 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,0  | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  |
| 23.9.2 | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,01 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,0  | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  |
| 24.9.2 | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,01 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,0  | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  |
| 25.9.2 | 0,00 | 0,01 | 0,01 | 0,00 | 0,00 | 0,01 | 0,01 | 0,01 | 0,01 | 0,00 | 0,01 | 0,00 | 0,01 | 0,01 | 0,01 | 0,01 | 0,01 | 0,01 | 0,01 | 0,01 | 0,01 | 0,01 | 0,01 | 0,01 | 0,01 | 0,01 | 0,01 | 0,01 |
| 26.9.2 | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,01 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,0  | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,01 | 0,0  | 0,0  |
| 27.9.2 | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,01 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,0  | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,01 | 0,0  | 0,0  |
| 28.9.2 | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,0  | 0,00 | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 |
| 29.9.3 | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,01 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,0  | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,00 | 0,00 | 0,0  | 0,0  | 0,0  | 0,01 | 0,0  | 0,0  | 0,00 |

APÊNDICE P – TABELA 12

TABELA 12 – Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos de um fragmento da região da transposase das cópias do transposon *Bari* da população de Madagascar (ancestral) de *D. simulans*. Todas as posições contendo deleções foram excluídas, permanecendo 483 pb.

|         | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14  | 15  | 16  | 17  | 18  | 19  |
|---------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| 1.5_2   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |     |
| 2.5_3   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |     |
| 3.5_4   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |     |
| 4.5_5   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |     |
| 5.5_6   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |     |
| 6.5_7   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |     |
| 7.5_8   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |     |
| 8.5_9   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |     |
| 9.5_11  | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |     |
| 10.5_13 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 |       |       |       |       |     |     |     |     |     |     |
| 11.5_14 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 |       |       |       |     |     |     |     |     |     |
| 12.5_15 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   |       |       |     |     |     |     |     |     |
| 13.5_16 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,018 | 0,009 | 0,009 |       |     |     |     |     |     |     |
| 14.5_18 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,009 |     |     |     |     |     |     |
| 15.5_19 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0 |     |     |     |     |     |
| 16.5_20 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0 | 0,0 |     |     |     |     |
| 17.5_21 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |     |     |     |
| 18.5_22 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |     |     |
| 19.5_23 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |
| 20.5_24 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |

APÊNDICE Q – TABELA 13

TABELA 13 – Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos de um fragmento da região da transposase das cópias do transposon *Bari* da população de Zimbábue (ancestral) de *D. simulans*. Todas as posições contendo deleções foram excluídas, permanecendo 687 pb.

|         | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14    | 15    | 16    | 17    | 18    |
|---------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 1.6_2   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 2.6_3   | 0,006 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 3.6_5   | 0,006 | 0,013 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 4.6_7   | 0,013 | 0,019 | 0,006 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 5.6_9   | 0,023 | 0,029 | 0,029 | 0,036 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 6.6_10  | 0,0   | 0,006 | 0,006 | 0,013 | 0,023 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 7.6_11  | 0,006 | 0,013 | 0,013 | 0,019 | 0,029 | 0,006 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 8.6_12  | 0,013 | 0,019 | 0,019 | 0,026 | 0,010 | 0,013 | 0,019 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 9.6_13  | 0,0   | 0,006 | 0,006 | 0,013 | 0,023 | 0,0   | 0,006 | 0,013 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 10.6_14 | 0,013 | 0,019 | 0,006 | 0,0   | 0,036 | 0,013 | 0,019 | 0,026 | 0,013 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 11.6_15 | 0,013 | 0,019 | 0,019 | 0,026 | 0,010 | 0,013 | 0,019 | 0,013 | 0,013 | 0,026 |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 12.6_16 | 0,013 | 0,019 | 0,006 | 0,013 | 0,036 | 0,013 | 0,019 | 0,026 | 0,013 | 0,013 | 0,026 |       |       |       |       |       |       |       |
| 13.6_18 | 0,013 | 0,019 | 0,019 | 0,013 | 0,036 | 0,013 | 0,019 | 0,026 | 0,013 | 0,013 | 0,026 | 0,026 |       |       |       |       |       |       |
| 14.6_19 | 0,019 | 0,026 | 0,026 | 0,019 | 0,029 | 0,019 | 0,026 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,033 | 0,019 |       |       |       |       |       |
| 15.6_20 | 0,0   | 0,006 | 0,006 | 0,013 | 0,023 | 0,0   | 0,006 | 0,013 | 0,0   | 0,013 | 0,013 | 0,013 | 0,013 | 0,019 |       |       |       |       |
| 16.6_21 | 0,006 | 0,013 | 0,013 | 0,019 | 0,016 | 0,006 | 0,013 | 0,006 | 0,006 | 0,019 | 0,006 | 0,019 | 0,019 | 0,013 | 0,006 |       |       |       |
| 17.6_22 | 0,013 | 0,019 | 0,006 | 0,0   | 0,036 | 0,013 | 0,013 | 0,026 | 0,013 | 0,0   | 0,026 | 0,013 | 0,013 | 0,019 | 0,013 | 0,019 |       |       |
| 18.6_23 | 0,0   | 0,006 | 0,006 | 0,013 | 0,023 | 0,0   | 0,006 | 0,013 | 0,0   | 0,013 | 0,013 | 0,013 | 0,013 | 0,019 | 0,0   | 0,006 | 0,013 |       |
| 19.6_24 | 0,006 | 0,013 | 0,013 | 0,019 | 0,016 | 0,006 | 0,013 | 0,019 | 0,006 | 0,019 | 0,006 | 0,019 | 0,019 | 0,026 | 0,006 | 0,013 | 0,019 | 0,006 |

APÊNDICE R – TABELA 14

TABELA 14 - Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos de um fragmento da região da transposase das cópias do transposon *Bari* da população de Draveil (invasora antiga) de *D. simulans*. Todas as posições contendo deleções foram excluídas, permanecendo 594 pb.

|         | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14    | 15    | 16    | 17  |
|---------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-----|
| 1.7_1   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |
| 2.7_2   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |
| 3.7_3   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |
| 4.7_4   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |
| 5.7_5   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |
| 6.7_6   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |
| 7.7_7   | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,007 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |
| 8.7_8   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,007 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |
| 9.7_9   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,007 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |     |
| 10.7_10 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,007 | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |     |
| 11.7_11 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,007 | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |     |
| 12.7_12 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,007 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |     |
| 13.7_14 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,007 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |     |
| 14.7_15 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,007 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |     |
| 15.7_16 | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,0   | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,007 |       |       |     |
| 16.7_17 | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,0   | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,0   |       |     |
| 17.7_19 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,007 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,007 | 0,007 |     |
| 18.7_20 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,007 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,007 | 0,007 | 0,0 |

APÊNDICE S – TABELA 15

**TABELA 15** - Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos de um fragmento da região da transposase das cópias do transposon *Bari* da população de Escócia (invasora antiga) de *D. simulans*. Todas as posições contendo deleções foram excluídas, permanecendo 722 pb.

|         | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14    | 15    | 16  | 17  | 18  | 19  | 20  |
|---------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-----|-----|-----|-----|-----|
| 1.8_1   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 2.8_2   | 0,006 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 3.8_3   | 0,0   | 0,006 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 4.8_4   | 0,006 | 0,012 | 0,006 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 5.8_5   | 0,006 | 0,012 | 0,006 | 0,012 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 6.8_6   | 0,0   | 0,006 | 0,0   | 0,006 | 0,006 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 7.8_8   | 0,0   | 0,006 | 0,0   | 0,006 | 0,006 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 8.8_9   | 0,0   | 0,006 | 0,0   | 0,006 | 0,006 | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 9.8_10  | 0,0   | 0,006 | 0,0   | 0,006 | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 10.8_11 | 0,0   | 0,006 | 0,0   | 0,006 | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 11.8_12 | 0,0   | 0,006 | 0,0   | 0,006 | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 12.8_13 | 0,0   | 0,006 | 0,0   | 0,006 | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 13.8_14 | 0,0   | 0,006 | 0,0   | 0,006 | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 14.8_16 | 0,0   | 0,006 | 0,0   | 0,006 | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |     |     |     |     |     |
| 15.8_17 | 0,006 | 0,012 | 0,006 | 0,012 | 0,0   | 0,006 | 0,006 | 0,006 | 0,006 | 0,006 | 0,006 | 0,006 | 0,006 | 0,006 |       |     |     |     |     |     |
| 16.8_19 | 0,0   | 0,006 | 0,0   | 0,006 | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,006 |     |     |     |     |     |
| 17.8_20 | 0,0   | 0,006 | 0,0   | 0,006 | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,006 | 0,0 |     |     |     |     |
| 18.8_21 | 0,0   | 0,006 | 0,0   | 0,006 | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,006 | 0,0 | 0,0 |     |     |     |
| 19.8_22 | 0,0   | 0,006 | 0,0   | 0,006 | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,006 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |     |     |
| 20.8_23 | 0,0   | 0,006 | 0,0   | 0,006 | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,006 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |
| 21.8_24 | 0,0   | 0,006 | 0,0   | 0,006 | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,006 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |

APÊNDICE T – TABELA 16

**TABELA 16** - Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos de um fragmento da região da transposase das cópias do transposon *Bari* da população de Florianópolis (invasora recente) de *D. simulans*. Todas as posições contendo deleções foram excluídas, permanecendo 657 pb.

|          | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14    | 15    | 16    | 17    | 18    | 19    | 20    |
|----------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 1.10_1   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 2.10_2   | 0,007 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 3.10_5   | 0,007 | 0,013 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 4.10_6   | 0,007 | 0,013 | 0,013 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 5.10_7   | 0,007 | 0,013 | 0,013 | 0,013 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 6.10_8   | 0,0   | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,007 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 7.10_9   | 0,0   | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 8.10_10  | 0,027 | 0,034 | 0,020 | 0,034 | 0,034 | 0,027 | 0,027 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 9.10_11  | 0,0   | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,0   | 0,0   | 0,027 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 10.10_12 | 0,007 | 0,013 | 0,013 | 0,013 | 0,013 | 0,007 | 0,007 | 0,034 | 0,007 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 11.10_14 | 0,007 | 0,013 | 0,007 | 0,013 | 0,013 | 0,007 | 0,007 | 0,027 | 0,007 | 0,013 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 12.10_13 | 0,007 | 0,013 | 0,007 | 0,013 | 0,013 | 0,007 | 0,007 | 0,027 | 0,007 | 0,013 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 13.10_16 | 0,0   | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,007 | 0,007 | 0,007 |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 14.10_17 | 0,007 | 0,013 | 0,007 | 0,013 | 0,013 | 0,007 | 0,007 | 0,027 | 0,007 | 0,013 | 0,0   | 0,0   | 0,007 |       |       |       |       |       |       |       |
| 15.10_18 | 0,0   | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,0   | 0,007 |       |       |       |       |       |       |
| 16.10_19 | 0,0   | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,0   | 0,007 | 0,0   |       |       |       |       |       |
| 17.10_20 | 0,0   | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,0   | 0,007 | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |
| 18.10_21 | 0,007 | 0,013 | 0,007 | 0,013 | 0,013 | 0,007 | 0,007 | 0,027 | 0,007 | 0,013 | 0,0   | 0,0   | 0,007 | 0,0   | 0,007 | 0,007 | 0,007 |       |       |       |
| 19.10_22 | 0,0   | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,007 | 0,007 | 0,007 | 0,0   | 0,007 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,007 |       |       |
| 20.10_23 | 0,007 | 0,013 | 0,013 | 0,013 | 0,013 | 0,007 | 0,007 | 0,033 | 0,007 | 0,013 | 0,013 | 0,013 | 0,007 | 0,013 | 0,007 | 0,007 | 0,013 | 0,013 | 0,007 | 0,007 |
| 21.10_24 | 0,007 | 0,013 | 0,013 | 0,013 | 0,0   | 0,007 | 0,007 | 0,034 | 0,007 | 0,013 | 0,013 | 0,013 | 0,007 | 0,013 | 0,007 | 0,007 | 0,013 | 0,013 | 0,007 | 0,013 |

APÊNDICE U – TABELA 17

TABELA 17 - Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos de um fragmento da região da transposase das cópias do transposon *Bari* da população de Pernambuco (invasora recente) de *D. simulans*. Todas as posições contendo deleções foram excluídas, permanecendo 722 pb.

|          | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14    | 15    | 16    | 17    | 18    | 19  | 20  | 21  | 22  |  |
|----------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-----|-----|-----|-----|--|
| 1.12_1   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |  |
| 2.12_3   | 0,006 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |  |
| 3.12_4   | 0,006 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |  |
| 4.12_5   | 0,006 | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |  |
| 5.12_6   | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |  |
| 6.12_7   | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |  |
| 7.12_8   | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |  |
| 8.12_9   | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |  |
| 9.12_10  | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |  |
| 10.12_11 | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |  |
| 11.12_12 | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |  |
| 12.12_13 | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |  |
| 13.12_14 | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |  |
| 14.12_15 | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |     |     |     |     |  |
| 15.12_16 | 0,012 | 0,006 | 0,006 | 0,006 | 0,006 | 0,006 | 0,006 | 0,006 | 0,006 | 0,006 | 0,006 | 0,006 | 0,006 | 0,006 |       |       |       |       |     |     |     |     |  |
| 16.12_17 | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,006 |       |       |       |     |     |     |     |  |
| 17.12_18 | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,006 | 0,0   |       |       |     |     |     |     |  |
| 18.12_19 | 0,012 | 0,006 | 0,006 | 0,006 | 0,006 | 0,006 | 0,006 | 0,006 | 0,006 | 0,006 | 0,006 | 0,006 | 0,006 | 0,006 | 0,012 | 0,006 | 0,006 |       |     |     |     |     |  |
| 19.12_20 | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,006 |     |     |     |     |  |
| 20.12_21 | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,006 | 0,0 |     |     |     |  |
| 21.12_22 | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,006 | 0,0 | 0,0 |     |     |  |
| 22.12_23 | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,006 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |     |  |
| 23.12_24 | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,006 | 0,0   | 0,0   | 0,006 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |  |

**TABELA 25** - Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos de um fragmento da região da integrase das cópias do retrotransposon 412 da população de Madagascar (ancestral) de *D. melanogaster*. Todas as posições contendo deleções foram excluídas, permanecendo 437 pb.

|         | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14    | 15    | 16    | 17  | 18  | 19  | 20  | 21  | 22  | 23  |
|---------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|
| 1.1_4   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |     |     |
| 2.1_5   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |     |     |
| 3.1_7   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |     |     |
| 4.1_8   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |     |     |
| 5.1_9   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |     |     |
| 6.1_10  | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |     |     |
| 7.1_11  | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |     |     |
| 8.1_12  | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |     |     |
| 9.1_13  | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |     |     |
| 10.1_14 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |     |     |
| 11.1_16 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |     |     |
| 12.1_17 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |     |     |
| 13.1_20 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |     |     |     |     |     |     |     |
| 14.1_21 | 0,063 | 0,063 | 0,063 | 0,063 | 0,063 | 0,063 | 0,063 | 0,063 | 0,063 | 0,063 | 0,063 | 0,063 | 0,063 |       |       |       |     |     |     |     |     |     |     |
| 15.1_23 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,063 |       |       |     |     |     |     |     |     |     |
| 16.1_24 | 0,010 | 0,010 | 0,010 | 0,010 | 0,010 | 0,010 | 0,010 | 0,010 | 0,010 | 0,010 | 0,010 | 0,010 | 0,010 | 0,074 | 0,010 |       |     |     |     |     |     |     |     |
| 17.1_25 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,063 | 0,010 | 0,010 |     |     |     |     |     |     |     |
| 18.1_26 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,063 | 0,010 | 0,010 | 0,0 |     |     |     |     |     |     |
| 19.1_27 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,063 | 0,010 | 0,010 | 0,0 | 0,0 |     |     |     |     |     |
| 20.1_28 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,063 | 0,010 | 0,010 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |     |     |     |     |
| 21.1_29 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,063 | 0,010 | 0,010 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |     |     |
| 22.1_30 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,063 | 0,010 | 0,010 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |
| 23.1_33 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,063 | 0,010 | 0,010 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |
| 24.1_34 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,063 | 0,010 | 0,010 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |



**TABELA 27 - Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos de um fragmento da região da integrase das cópias do retrotransposon 412 da população de Delhi (invasora antiga) de *D. melanogaster*. Todas as posições contendo deleções foram excluídas, permanecendo 497 pb.**

|        | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14    | 15    | 16    | 17    | 18    | 19    | 20    | 21    | 22    | 23  | 24  | 25  | 26  |     |
|--------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-----|-----|-----|-----|-----|
| 14_1   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 24_2   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 34_3   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 44_5   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 54_6   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 64_7   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 74_8   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 84_10  | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 94_11  | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 104_12 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 114_14 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 124_15 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 134_16 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 144_17 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 154_18 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 164_21 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 174_22 | 0,133 | 0,133 | 0,133 | 0,133 | 0,133 | 0,133 | 0,133 | 0,133 | 0,133 | 0,133 | 0,133 | 0,133 | 0,133 | 0,133 | 0,143 | 0,133 |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 184_24 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,133 |       |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 194_25 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,133 | 0,0   |       |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 204_26 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,133 | 0,0   | 0,0   |       |       |       |     |     |     |     |     |
| 214_27 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,133 | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |     |     |     |     |     |
| 224_28 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,018 | 0,009 | 0,143 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 |       |     |     |     |     |     |
| 234_29 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,133 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 |     |     |     |     |     |
| 244_31 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,133 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0 |     |     |     |     |
| 254_32 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,133 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0 | 0,0 |     |     |     |
| 264_33 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,133 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |     |     |
| 274_34 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,133 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |



**TABELA 29** - Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos de um fragmento da região da integrase das cópias do retrotransposon 412 da população de Madagascar (ancestral) de *D. simulans*. Todas as posições contendo deleções foram excluídas, permanecendo 434 pb.

|                | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14    | 15    | 16  |
|----------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-----|
| <b>1.5_1</b>   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |
| <b>2.5_2</b>   | 0,041 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |
| <b>3.5_3</b>   | 0,010 | 0,031 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |
| <b>4.5_6</b>   | 0,010 | 0,030 | 0,020 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |
| <b>5.5_7</b>   | 0,020 | 0,020 | 0,010 | 0,010 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |
| <b>6.5_8</b>   | 0,010 | 0,030 | 0,020 | 0,0   | 0,010 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |
| <b>7.5_9</b>   | 0,041 | 0,062 | 0,031 | 0,051 | 0,041 | 0,051 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |
| <b>8.5_10</b>  | 0,010 | 0,030 | 0,020 | 0,0   | 0,010 | 0,0   | 0,051 |       |       |       |       |       |       |       |       |     |
| <b>9.5_11</b>  | 0,010 | 0,030 | 0,020 | 0,0   | 0,010 | 0,0   | 0,051 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |     |
| <b>10.5_14</b> | 0,010 | 0,030 | 0,020 | 0,0   | 0,010 | 0,0   | 0,051 | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |     |
| <b>11.5_16</b> | 0,010 | 0,030 | 0,020 | 0,0   | 0,010 | 0,0   | 0,051 | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |     |
| <b>12.5_18</b> | 0,020 | 0,020 | 0,031 | 0,010 | 0,020 | 0,010 | 0,062 | 0,010 | 0,010 | 0,010 | 0,010 |       |       |       |       |     |
| <b>13.5_19</b> | 0,0   | 0,041 | 0,010 | 0,010 | 0,020 | 0,010 | 0,041 | 0,010 | 0,010 | 0,010 | 0,010 | 0,020 |       |       |       |     |
| <b>14.5_20</b> | 0,020 | 0,041 | 0,010 | 0,030 | 0,020 | 0,030 | 0,020 | 0,030 | 0,030 | 0,030 | 0,030 | 0,041 | 0,020 |       |       |     |
| <b>15.5_21</b> | 0,010 | 0,030 | 0,0   | 0,020 | 0,010 | 0,020 | 0,030 | 0,020 | 0,020 | 0,020 | 0,020 | 0,030 | 0,010 | 0,010 |       |     |
| <b>16.5_4</b>  | 0,0   | 0,041 | 0,010 | 0,010 | 0,020 | 0,010 | 0,041 | 0,010 | 0,010 | 0,010 | 0,010 | 0,020 | 0,0   | 0,020 | 0,010 |     |
| <b>17.5_5</b>  | 0,0   | 0,041 | 0,010 | 0,010 | 0,020 | 0,010 | 0,041 | 0,010 | 0,010 | 0,010 | 0,010 | 0,020 | 0,0   | 0,020 | 0,010 | 0,0 |

**TABELA 30** - Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos de um fragmento da região da integrase das cópias do retrotransposon 412 da população de Zimbábue (ancestral) de *D. simulans*. Todas as posições contendo deleções foram excluídas, permanecendo 483 pb.

|         | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14    | 15    | 16    | 17    | 18    |
|---------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 1.6_1   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 2.6_2   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 3.6_3   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 4.6_4   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 5.6_6   | 0,027 | 0,027 | 0,027 | 0,027 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 6.6_8   | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,018 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 7.6_9   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,009 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 8.6_11  | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,018 | 0,0   | 0,009 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 9.6_12  | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,018 | 0,0   | 0,009 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 10.6_14 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,018 | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 11.6_16 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,018 | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 12.6_19 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,018 | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |
| 13.6_21 | 0,055 | 0,055 | 0,055 | 0,055 | 0,065 | 0,065 | 0,055 | 0,065 | 0,065 | 0,065 | 0,065 | 0,065 |       |       |       |       |       |       |
| 14.6_23 | 0,075 | 0,075 | 0,075 | 0,075 | 0,065 | 0,085 | 0,075 | 0,084 | 0,084 | 0,084 | 0,085 | 0,084 | 0,018 |       |       |       |       |       |
| 15.6_24 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,009 | 0,0   | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,055 | 0,075 |       |       |       |       |
| 16.6_5  | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,009 | 0,0   | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,055 | 0,075 | 0,0   |       |       |       |
| 17.6_10 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,009 | 0,0   | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,055 | 0,075 | 0,0   | 0,0   |       |       |
| 18.6_15 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,018 | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,065 | 0,085 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 |
| 19.6_18 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,009 | 0,0   | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,055 | 0,075 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 |

**TABELA 31** - Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos de um fragmento da região da integrase das cópias do retrotransposon 412 da população de Draveil (invasora antiga) de *D. simulans*. Todas as posições contendo deleções foram excluídas, permanecendo 515 pb.

|         | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14    | 15    | 16    | 17    | 18    |
|---------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 1.7_1   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 2.7_2   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 3.7_3   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 4.7_4   | 0,017 | 0,017 | 0,017 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 5.7_5   | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 6.7_6   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,017 | 0,009 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 7.7_8   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,017 | 0,009 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 8.7_9   | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,009 | 0,0   | 0,008 | 0,008 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 9.7_10  | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,0   | 0,009 | 0,009 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 10.7_11 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,0   | 0,009 | 0,009 | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 11.7_13 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,026 | 0,017 | 0,009 | 0,009 | 0,017 | 0,017 | 0,017 |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 12.7_14 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,0   | 0,009 | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,017 |       |       |       |       |       |       |       |
| 13.7_17 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,017 | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 |       |       |       |       |       |       |
| 14.7_18 | 0,026 | 0,026 | 0,026 | 0,026 | 0,017 | 0,026 | 0,026 | 0,017 | 0,017 | 0,017 | 0,035 | 0,017 | 0,026 |       |       |       |       |       |
| 15.7_19 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,017 | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,0   | 0,026 |       |       |       |       |
| 16.7_21 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,017 | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,0   | 0,026 | 0,0   |       |       |       |
| 17.7_22 | 0,034 | 0,034 | 0,034 | 0,034 | 0,026 | 0,034 | 0,034 | 0,026 | 0,026 | 0,026 | 0,043 | 0,026 | 0,034 | 0,008 | 0,034 | 0,034 |       |       |
| 18.7_23 | 0,062 | 0,062 | 0,062 | 0,062 | 0,071 | 0,062 | 0,062 | 0,071 | 0,071 | 0,071 | 0,071 | 0,071 | 0,062 | 0,053 | 0,062 | 0,062 | 0,043 |       |
| 19.7_24 | 0,101 | 0,101 | 0,101 | 0,101 | 0,110 | 0,101 | 0,101 | 0,110 | 0,110 | 0,110 | 0,110 | 0,110 | 0,101 | 0,091 | 0,101 | 0,101 | 0,080 | 0,072 |

**TABELA 32** - Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos de um fragmento da região da integrase das cópias do retrotransposon 412 da população de Escócia (invasora antiga) de *D. simulans*. Todas as posições contendo deleções foram excluídas, permanecendo 512 pb.

|                | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14    | 15    | 16    | 17  | 18  |
|----------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-----|-----|
| <b>1.8_1</b>   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |
| <b>2.8_2</b>   | 0,035 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |
| <b>3.8_3</b>   | 0,035 | 0,017 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |
| <b>4.8_4</b>   | 0,035 | 0,0   | 0,017 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |
| <b>5.8_5</b>   | 0,035 | 0,0   | 0,017 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |
| <b>6.8_6</b>   | 0,035 | 0,017 | 0,0   | 0,017 | 0,017 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |
| <b>7.8_7</b>   | 0,039 | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,0   | 0,017 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |
| <b>8.8_8</b>   | 0,035 | 0,017 | 0,017 | 0,017 | 0,017 | 0,017 | 0,017 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |
| <b>9.8_11</b>  | 0,090 | 0,053 | 0,071 | 0,053 | 0,053 | 0,071 | 0,053 | 0,071 |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |
| <b>10.8_13</b> | 0,131 | 0,091 | 0,091 | 0,091 | 0,091 | 0,091 | 0,091 | 0,110 | 0,072 |       |       |       |       |       |       |       |     |     |
| <b>11.8_14</b> | 0,026 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,008 | 0,008 | 0,062 | 0,101 |       |       |       |       |       |       |     |     |
| <b>12.8_15</b> | 0,035 | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,017 | 0,053 | 0,091 | 0,009 |       |       |       |       |       |     |     |
| <b>13.8_17</b> | 0,035 | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,017 | 0,053 | 0,091 | 0,009 | 0,0   |       |       |       |       |     |     |
| <b>14.8_18</b> | 0,035 | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,017 | 0,053 | 0,091 | 0,009 | 0,0   | 0,0   |       |       |       |     |     |
| <b>15.8_19</b> | 0,035 | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,017 | 0,053 | 0,091 | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |     |     |
| <b>16.8_20</b> | 0,101 | 0,062 | 0,062 | 0,062 | 0,062 | 0,062 | 0,062 | 0,081 | 0,081 | 0,045 | 0,072 | 0,062 | 0,062 | 0,062 | 0,062 |       |     |     |
| <b>17.8_22</b> | 0,035 | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,017 | 0,053 | 0,091 | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,062 |     |     |
| <b>18.8_23</b> | 0,035 | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,017 | 0,053 | 0,091 | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,062 | 0,0 |     |
| <b>19.8_24</b> | 0,035 | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,017 | 0,053 | 0,091 | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,062 | 0,0 | 0,0 |

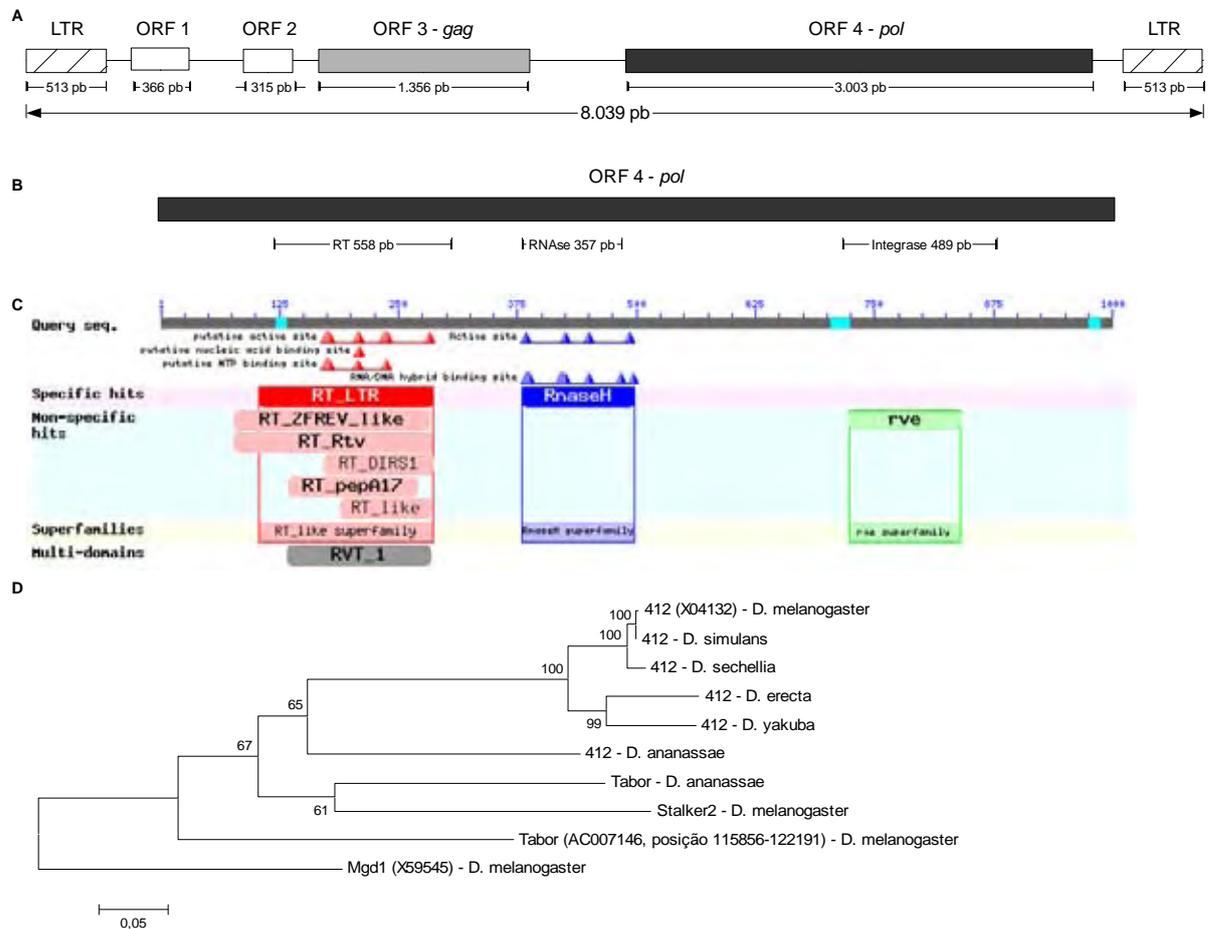
**TABELA 33** - Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos de um fragmento da região da integrase das cópias do retrotransposon 412 da população de Florianópolis (invasora recente) de *D. simulans*. Todas as posições contendo deleções foram excluídas, permanecendo 482 pb.

|          | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14    | 15    | 16    | 17    | 18    | 19    | 20    | 21    |       |
|----------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 1.10_1   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 2.10_2   | 0,009 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 3.10_3   | 0,009 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 4.10_5   | 0,037 | 0,027 | 0,027 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 5.10_6   | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,027 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 6.10_7   | 0,018 | 0,009 | 0,009 | 0,018 | 0,009 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 7.10_8   | 0,085 | 0,075 | 0,075 | 0,046 | 0,075 | 0,065 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 8.10_9   | 0,009 | 0,018 | 0,018 | 0,046 | 0,018 | 0,027 | 0,095 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 9.10_10  | 0,106 | 0,096 | 0,096 | 0,086 | 0,096 | 0,086 | 0,097 | 0,118 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 10.10_11 | 0,065 | 0,056 | 0,056 | 0,027 | 0,056 | 0,046 | 0,037 | 0,075 | 0,076 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 11.10_12 | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,009 | 0,075 | 0,018 | 0,096 | 0,056 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 12.10_13 | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,009 | 0,075 | 0,018 | 0,096 | 0,056 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 13.10_14 | 0,0   | 0,009 | 0,009 | 0,037 | 0,009 | 0,018 | 0,085 | 0,009 | 0,107 | 0,065 | 0,009 | 0,009 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 14.10_15 | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,009 | 0,075 | 0,018 | 0,096 | 0,056 | 0,0   | 0,0   | 0,009 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 15.10_16 | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,009 | 0,075 | 0,018 | 0,096 | 0,056 | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 16.10_17 | 0,046 | 0,037 | 0,037 | 0,009 | 0,037 | 0,027 | 0,056 | 0,056 | 0,096 | 0,037 | 0,037 | 0,037 | 0,046 | 0,037 | 0,037 |       |       |       |       |       |       |       |
| 17.10_18 | 0,009 | 0,018 | 0,018 | 0,046 | 0,018 | 0,027 | 0,095 | 0,018 | 0,117 | 0,075 | 0,018 | 0,018 | 0,009 | 0,018 | 0,018 | 0,056 |       |       |       |       |       |       |
| 18.10_19 | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,009 | 0,075 | 0,018 | 0,096 | 0,055 | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,037 | 0,018 |       |       |       |       |       |
| 19.10_20 | 0,018 | 0,009 | 0,009 | 0,018 | 0,009 | 0,018 | 0,065 | 0,027 | 0,107 | 0,046 | 0,009 | 0,009 | 0,018 | 0,009 | 0,009 | 0,027 | 0,027 | 0,009 |       |       |       |       |
| 20.10_21 | 0,0   | 0,009 | 0,009 | 0,037 | 0,009 | 0,018 | 0,085 | 0,009 | 0,107 | 0,065 | 0,009 | 0,009 | 0,0   | 0,009 | 0,009 | 0,046 | 0,009 | 0,009 | 0,018 |       |       |       |
| 21.10_22 | 0,018 | 0,009 | 0,009 | 0,037 | 0,009 | 0,018 | 0,065 | 0,027 | 0,086 | 0,046 | 0,009 | 0,009 | 0,018 | 0,009 | 0,009 | 0,046 | 0,027 | 0,009 | 0,018 | 0,018 |       |       |
| 22.10_24 | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,009 | 0,075 | 0,018 | 0,097 | 0,056 | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,037 | 0,018 | 0,0   | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 |

**TABELA 34** - Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos de um fragmento da região da integrase das cópias do retrotransposon 412 da população de Pernambuco (invasora recente) de *D. simulans*. Todas as posições contendo deleções foram excluídas, permanecendo 459 pb.

|                 | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14    | 15    | 16    |
|-----------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| <b>1.12_1</b>   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| <b>2.12_2</b>   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| <b>3.12_4</b>   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| <b>4.12_5</b>   | 0,019 | 0,019 | 0,019 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| <b>5.12_6</b>   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,019 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| <b>6.12_7</b>   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,019 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| <b>7.12_10</b>  | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,019 | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| <b>8.12_12</b>  | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,019 | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| <b>9.12_13</b>  | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 |       |       |       |       |       |       |       |       |
| <b>10.12_15</b> | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,019 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 |       |       |       |       |       |       |       |
| <b>11.12_16</b> | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,009 | 0,019 |       |       |       |       |       |       |
| <b>12.12_17</b> | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,019 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,019 |       |       |       |       |       |
| <b>13.12_18</b> | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,0   | 0,009 | 0,009 | 0,009 |       |       |       |       |
| <b>14.12_19</b> | 0,029 | 0,029 | 0,029 | 0,029 | 0,029 | 0,029 | 0,029 | 0,029 | 0,019 | 0,029 | 0,029 | 0,029 | 0,019 |       |       |       |
| <b>15.12_22</b> | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,009 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,009 | 0,029 |       |       |
| <b>16.12_23</b> | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,038 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,029 | 0,019 | 0,038 | 0,019 | 0,029 | 0,048 | 0,039 |       |
| <b>17.12_24</b> | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,019 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,019 | 0,0   | 0,009 | 0,029 | 0,019 | 0,019 |

APÊNDICE V – FIGURA 2



**FIGURA 2** – Estrutura do retrotransposon 412. (A) Caracterização das estruturas do elemento consenso de *D. melanogaster* depositado; (B) Caracterização da ORF2 (*pol*) do do elemento consenso de *D. melanogaster* depositado; (C) Domínios protéicos da ORF2 (*pol*) do do elemento consenso de *D. melanogaster* depositado; (D) Filogenia das sequências referência de cada espécie com o elemento de *D. melanogaster* depositado, pelo método de Máxima Verossimilhança (Modelo Tamura-Nei; 5.282 pb; programa Mega5) utilizando com grupos externos os elementos *Tabor*, de *D. ananassae*, e *Stalker*, *Tabor* e *Mgd1*, de *D. melanogaster*.

## APÊNDICE X – TABELA 18

TABELA 18 – Sequências do retrotransposon *412* anotadas no genoma das espécies do grupo *melanogaster*.

| Sequência | Cromossomo/scaffold | Início   | Término  | Leitura | Tamanho |
|-----------|---------------------|----------|----------|---------|---------|
| me1       | 2LHet               | 282389   | 283958   | +       | 1570    |
| me2c      | 2RHet               | 2583506  | 2576017  | -       | 7490    |
| me3c      | 2R                  | 19424670 | 19417152 | -       | 7519    |
| me4c      | 2R                  | 19809443 | 19801877 | -       | 7567    |
| me5c      | 2R                  | 20042166 | 20034646 | -       | 7521    |
| me6c      | 2R                  | 20072241 | 20064814 | -       | 7428    |
| me7c      | 2R                  | 20542666 | 20535167 | -       | 7500    |
| me8c      | 3L                  | 1055161  | 1047496  | -       | 7666    |
| me9c      | 3L                  | 11557936 | 11565503 | +       | 7568    |
| me10c     | 3L                  | 1219646  | 1227237  | +       | 7592    |
| me11c     | 3L                  | 17517635 | 17510135 | -       | 7501    |
| me12c     | 3L                  | 19820946 | 19813441 | -       | 7506    |
| me13c     | 3L                  | 21236900 | 21244405 | +       | 7506    |
| me14c     | 3L                  | 4328787  | 4336227  | +       | 7441    |
| me15c     | 3L                  | 9070082  | 9077584  | +       | 7503    |
| me16      | 3L                  | 9127416  | 9123708  | -       | 3709    |
| me17c     | 3L                  | 9526908  | 9534410  | +       | 7503    |
| me18      | 3RHet               | 199350   | 197570   | -       | 1781    |
| me19      | 3RHet               | 200667   | 199560   | -       | 1108    |
| me20c     | 3R                  | 10935472 | 10928275 | -       | 7198    |
| me21c     | 3R                  | 11434405 | 11426941 | -       | 7465    |
| me22c     | 3R                  | 22966292 | 22973844 | +       | 7553    |
| me23c     | 3R                  | 26201316 | 26208883 | +       | 7568    |
| me24      | Uextra              | 11639985 | 11639240 | -       | 746     |
| me25      | Uextra              | 1208072  | 1207512  | -       | 561     |
| me26      | Uextra              | 12802450 | 12801853 | -       | 598     |
| me27      | Uextra              | 14275703 | 14276390 | +       | 688     |
| me28      | Uextra              | 14420954 | 14420513 | -       | 442     |
| me29      | Uextra              | 14524432 | 14525151 | +       | 720     |
| me30      | Uextra              | 16419763 | 16420468 | +       | 706     |
| me31      | Uextra              | 17027653 | 17027456 | -       | 198     |
| me32      | Uextra              | 20147827 | 20148015 | +       | 189     |
| me33      | Uextra              | 22841857 | 22842450 | +       | 594     |
| me34      | Uextra              | 24033658 | 24034302 | +       | 645     |
| me35      | Uextra              | 25447004 | 25446380 | -       | 625     |
| me36      | Uextra              | 4826503  | 4825602  | -       | 902     |
| me37      | Uextra              | 5410456  | 5410969  | +       | 514     |
| me38      | Uextra              | 6920587  | 6921251  | +       | 665     |
| me39      | Uextra              | 7735364  | 7734931  | -       | 434     |
| me40      | Uextra              | 8459627  | 8460144  | +       | 518     |
| me41      | Uextra              | 8804243  | 8803458  | -       | 786     |
| me42      | Uextra              | 9669376  | 9668606  | -       | 771     |
| me43      | Uextra              | 9881378  | 9880824  | -       | 555     |
| me44      | Uextra              | 9899815  | 9899335  | -       | 481     |
| me45      | U                   | 4001667  | 4002872  | +       | 1206    |
| me46      | U                   | 4012329  | 4013180  | +       | 852     |
| me47      | U                   | 5169355  | 5172083  | +       | 2729    |
| me48      | U                   | 5174367  | 5174890  | +       | 524     |
| me49      | U                   | 5978155  | 5977587  | -       | 569     |
| me50      | U                   | 648762   | 647223   | -       | 1540    |
| me51      | U                   | 673223   | 671977   | -       | 1247    |
| me52      | U                   | 677609   | 678787   | +       | 1179    |
| me53      | U                   | 680004   | 681849   | +       | 1846    |
| me54c     | U                   | 930842   | 923349   | -       | 7494    |
| me55      | U                   | 9549390  | 9549870  | +       | 481     |
| me56      | U                   | 9918127  | 9918621  | +       | 495     |
| me57c     | X                   | 10032303 | 10039743 | +       | 7441    |
| me58c     | X                   | 19030640 | 19037501 | +       | 6862    |
| me59c     | X                   | 197508   | 189937   | -       | 7572    |
| me60c     | X                   | 21519806 | 21512270 | -       | 7537    |
| me61c     | X                   | 3888526  | 3880951  | -       | 7576    |
| me62c     | X                   | 445510   | 453014   | +       | 7505    |

Continuação Tabela 18.

|              |             |          |          |   |      |
|--------------|-------------|----------|----------|---|------|
| <b>me63</b>  | X           | 5419425  | 5422411  | + | 2987 |
| <b>me64c</b> | X           | 927440   | 935015   | + | 7576 |
| <b>si1</b>   | 2L          | 21945548 | 21945036 | - | 513  |
| <b>si2</b>   | 2L          | 874660   | 874277   | - | 384  |
| <b>si3</b>   | 2R          | 1421340  | 1420779  | - | 562  |
| <b>si4</b>   | 2R          | 15584523 | 15581862 | - | 2662 |
| <b>si5</b>   | 3R          | 23983468 | 23982565 | - | 904  |
| <b>si6</b>   | 3R          | 27260911 | 27259316 | - | 1596 |
| <b>si7</b>   | 3R          | 27264729 | 27263912 | - | 818  |
| <b>si8</b>   | 3R          | 451686   | 449221   | - | 2466 |
| <b>si9</b>   | 3R          | 5413421  | 5412742  | - | 680  |
| <b>si10</b>  | 3R          | 5417118  | 5412742  | - | 4377 |
| <b>si11</b>  | chr2h_M_19  | 29268    | 28790    | - | 480  |
| <b>si12</b>  | chr2R_M_31  | 13296    | 6907     | - | 6390 |
| <b>si13</b>  | chr2R_M_252 | 1        | 3642     | + | 3642 |
| <b>si14</b>  | chr3h_M_37  | 39753    | 40595    | + | 843  |
| <b>si15</b>  | chr3h_M_46  | 10497    | 11245    | + | 749  |
| <b>si16</b>  | chrU_M_18   | 1304     | 1        | - | 1304 |
| <b>si17</b>  | chrU_M_1028 | 1192     | 1        | - | 1192 |
| <b>si18</b>  | chrU_M_1071 | 4104     | 1        | - | 4104 |
| <b>si19</b>  | chrU_M_1108 | 1        | 1166     | + | 1166 |
| <b>si20</b>  | chrU_M_1108 | 3005     | 4171     | + | 1167 |
| <b>si21</b>  | chrU_M_1187 | 1030     | 1        | - | 1030 |
| <b>si22</b>  | chrU_M_1238 | 1        | 1656     | + | 1656 |
| <b>si23</b>  | chrU_M_1293 | 1        | 1123     | + | 1123 |
| <b>si24</b>  | chrU_M_1383 | 1        | 1142     | + | 1142 |
| <b>si25</b>  | chrU_M_1385 | 1317     | 1        | - | 1317 |
| <b>si26</b>  | chrU_M_1430 | 1268     | 1        | - | 1268 |
| <b>si27</b>  | chrU_M_1438 | 537      | 904      | + | 368  |
| <b>si28</b>  | chrU_M_1454 | 4148     | 1        | - | 4148 |
| <b>si29</b>  | chrU_M_1518 | 1        | 505      | + | 505  |
| <b>si30</b>  | chrU_M_1537 | 17933    | 18545    | + | 613  |
| <b>si31c</b> | chrU_M_1537 | 18546    | 25970    | + | 7425 |
| <b>si32</b>  | chrU_M_1561 | 2501     | 3693     | + | 1193 |
| <b>si33</b>  | chrU_M_1569 | 442      | 1788     | + | 1347 |
| <b>si34</b>  | chrU_M_1608 | 1626     | 1        | - | 1626 |
| <b>si35</b>  | chrU_M_1656 | 21723    | 20216    | - | 1508 |
| <b>si36</b>  | chrU_M_1680 | 248      | 1449     | + | 1202 |
| <b>si37</b>  | chrU_M_1691 | 1        | 1598     | + | 1598 |
| <b>si38</b>  | chrU_M_1770 | 1771     | 1        | - | 1771 |
| <b>si39</b>  | chrU_M_1796 | 21913    | 18408    | - | 3506 |
| <b>si40</b>  | chrU_M_2017 | 1932     | 1        | - | 1932 |
| <b>si41</b>  | chrU_M_2139 | 73       | 586      | + | 514  |
| <b>si42</b>  | chrU_M_2336 | 980      | 577      | - | 404  |
| <b>si43</b>  | chrU_M_2344 | 1609     | 1        | - | 1609 |
| <b>si44</b>  | chrU_M_2374 | 1204     | 165      | - | 1040 |
| <b>si45</b>  | chrU_M_2679 | 304      | 610      | + | 307  |
| <b>si46</b>  | chrU_M_2701 | 555      | 1193     | + | 639  |
| <b>si47</b>  | chrU_M_2707 | 1194     | 1791     | + | 598  |
| <b>si48</b>  | chrU_M_2735 | 1        | 1594     | + | 1594 |
| <b>si49</b>  | chrU_M_2736 | 1        | 416      | + | 416  |
| <b>si50</b>  | chrU_M_3013 | 1        | 1534     | + | 1534 |
| <b>si51</b>  | chrU_M_3015 | 13422    | 17438    | + | 4017 |
| <b>si52</b>  | chrU_M_3015 | 4379     | 4141     | - | 239  |
| <b>si53</b>  | chrU_M_3015 | 8489     | 11456    | + | 2968 |
| <b>si54</b>  | chrU_M_3201 | 1        | 6127     | + | 6127 |
| <b>si55</b>  | chrU_M_3304 | 3773     | 9157     | + | 5385 |
| <b>si56</b>  | chrU_M_3468 | 400      | 1964     | + | 1565 |
| <b>si57</b>  | chrU_M_348  | 553      | 1        | - | 553  |
| <b>si58</b>  | chrU_M_354  | 1        | 950      | + | 950  |
| <b>si59</b>  | chrU_M_3765 | 7478     | 9333     | + | 1856 |
| <b>si60</b>  | chrU_M_3871 | 10063    | 7415     | - | 2649 |
| <b>si61</b>  | chrU_M_3871 | 10615    | 10152    | - | 464  |
| <b>si62</b>  | chrU_M_3871 | 10836    | 10616    | - | 221  |
| <b>si63</b>  | chrU_M_3871 | 4303     | 1837     | - | 2467 |
| <b>si64</b>  | chrU_M_3871 | 4975     | 4622     | - | 354  |
| <b>si65</b>  | chrU_M_4045 | 379      | 891      | + | 513  |
| <b>si66</b>  | chrU_M_4076 | 1        | 1616     | + | 1616 |
| <b>si67</b>  | chrU_M_425  | 2193     | 1683     | - | 511  |

Continuação Tabela 18.

|         |             |          |          |   |      |
|---------|-------------|----------|----------|---|------|
| si68    | chrU_M_4315 | 140      | 1120     | + | 981  |
| si69    | chrU_M_4586 | 1        | 449      | + | 449  |
| si70    | chrU_M_4759 | 1        | 848      | + | 848  |
| si71    | chrU_M_4829 | 2526     | 2286     | - | 241  |
| si72    | chrU_M_5099 | 764      | 1        | - | 764  |
| si73    | chrU_M_5418 | 1        | 1285     | + | 1285 |
| si74    | chrU_M_5674 | 229      | 1        | - | 229  |
| si75    | chrU_M_5732 | 6944     | 6431     | - | 514  |
| si76    | chrU_M_597  | 1        | 215      | + | 215  |
| si77    | chrU_M_6288 | 791      | 89       | - | 703  |
| si78    | chrU_M_6292 | 310      | 633      | + | 324  |
| si79    | chrU_M_6302 | 925      | 1        | - | 925  |
| si80    | chrU_M_6364 | 7804     | 8412     | + | 609  |
| si81    | chrU_M_6370 | 518      | 996      | + | 479  |
| si82    | chrU_M_642  | 1        | 1078     | + | 1078 |
| si83    | chrU_M_6441 | 981      | 1        | - | 981  |
| si84    | chrU_M_6461 | 2137     | 1        | - | 2137 |
| si85    | chrU_M_6668 | 1        | 514      | + | 514  |
| si86    | chrU_M_6724 | 42       | 635      | + | 594  |
| si87    | chrU_M_6729 | 1930     | 4819     | + | 2890 |
| si88    | chrU_M_6729 | 1        | 1890     | + | 1890 |
| si89    | chrU_M_6733 | 456      | 1        | - | 456  |
| si90    | chrU_M_676  | 1        | 985      | + | 985  |
| si91    | chrU_M_6782 | 1270     | 2192     | + | 923  |
| si92    | chrU_M_6782 | 2714     | 5667     | + | 2954 |
| si93    | chrU_M_679  | 7741     | 8876     | + | 1136 |
| si94    | chrU_M_6895 | 4        | 309      | + | 306  |
| si95    | chrU_M_691  | 2086     | 2479     | + | 394  |
| si96    | chrU_M_6923 | 1322     | 834      | - | 489  |
| si97    | chrU_M_6923 | 1        | 255      | + | 255  |
| si98    | chrU_M_6923 | 647      | 832      | + | 186  |
| si99    | chrU_M_6929 | 300      | 1049     | + | 750  |
| si100   | chrU_M_6947 | 1        | 975      | + | 975  |
| si101   | chrU_M_6992 | 1        | 3509     | + | 3509 |
| si102   | chrU_M_6992 | 3230     | 3509     | + | 280  |
| si103   | chrU_M_7084 | 43       | 838      | + | 796  |
| si104   | chrU_M_7194 | 429      | 1        | - | 429  |
| si105   | chrU_M_727  | 3410     | 4816     | + | 1407 |
| si106   | chrU_M_865  | 1        | 709      | + | 709  |
| si107   | chrU_M_924  | 2614     | 3937     | + | 1324 |
| si108   | chrU_M_924  | 2671     | 3937     | + | 1267 |
| *si109c | chrU_M_981  | 9360     | 1792     | - | 7569 |
| si110   | chrU_M_986  | 2961     | 40       | - | 2922 |
| si111   | chrU_M_986  | 4253     | 3582     | - | 672  |
| si112   | chrU_M_997  | 100      | 1592     | + | 1493 |
| si113   | X           | 16154981 | 16156142 | + | 1153 |
| si114   | X           | 16159692 | 16160855 | + | 239  |
| si115   | X           | 2822625  | 2822936  | + | 312  |
| se1_1   | 1095        | 1        | 5551     | + | 5551 |
| se1_2c  | 111         | 48934    | 41520    | - | 7414 |
| se1_3   | 1124        | 4616     | 1        | - | 4616 |
| se1_4   | 1186        | 4904     | 1        | - | 4904 |
| se1_5   | 12210       | 1        | 1180     | + | 1180 |
| se1_6   | 12251       | 1181     | 185      | - | 997  |
| se1_7   | 12375       | 1        | 1166     | + | 1166 |
| se1_8   | 1263        | 4971     | 1        | - | 4971 |
| se1_9   | 1316        | 1        | 4841     | + | 4841 |
| se1_10  | 1372        | 2        | 4707     | + | 4706 |
| se1_11  | 1484        | 4469     | 1        | - | 4469 |
| se1_12  | 1525        | 4333     | 780      | - | 3553 |
| se1_13  | 1623        | 4309     | 1        | - | 4309 |
| se1_14  | 1650        | 4275     | 901      | - | 3375 |
| se1_15  | 1718        | 4214     | 1        | - | 4213 |
| se1_16  | 1723        | 4211     | 1        | - | 4211 |
| se1_17  | 1769        | 4004     | 1        | - | 4004 |
| se1_18  | 1773        | 4169     | 1        | - | 4169 |
| se1_19  | 1895        | 4049     | 2260     | - | 1790 |
| se1_20  | 1921        | 4021     | 3        | - | 4019 |
| se1_21c | 221         | 21711    | 14297    | - | 7415 |

Continuação Tabela 18.

|         |       |        |        |   |      |
|---------|-------|--------|--------|---|------|
| se1_22  | 2425  | 16     | 3298   | + | 3283 |
| se1_23  | 2548  | 1      | 3199   | + | 3199 |
| se1_24c | 254   | 3491   | 10688  | + | 7198 |
| se1_25  | 2604  | 123    | 1667   | + | 1545 |
| se1_26  | 2616  | 3122   | 1      | - | 3078 |
| se1_27  | 2758  | 233    | 2553   | + | 2321 |
| se1_28  | 2773  | 1      | 3001   | + | 3001 |
| se1_29  | 3052  | 1      | 2809   | + | 2809 |
| se1_30  | 3086  | 1      | 2104   | + | 2104 |
| se1_31  | 3336  | 2643   | 274    | - | 2370 |
| se1_32  | 3389  | 2613   | 2      | - | 2612 |
| se1_33  | 3594  | 2537   | 780    | - | 1758 |
| se1_34  | 3671  | 2503   | 232    | - | 2272 |
| se1_35  | 3673  | 12     | 2501   | + | 2490 |
| se1_36  | 3707  | 1      | 2011   | + | 2011 |
| se1_37  | 3871  | 180    | 1264   | + | 1085 |
| se1_38  | 3919  | 2410   | 1      | - | 2410 |
| se1_39  | 4047  | 2374   | 1      | - | 2374 |
| se1_40  | 406   | 40488  | 45864  | + | 5377 |
| se1_41  | 4129  | 2351   | 794    | - | 1558 |
| se1_42  | 4145  | 2345   | 624    | - | 1722 |
| se1_43  | 4409  | 2266   | 1      | - | 2266 |
| se1_44  | 4426  | 2261   | 68     | - | 2194 |
| se1_45  | 4456  | 2236   | 1      | - | 2236 |
| se1_46  | 4591  | 2223   | 1      | - | 2223 |
| se1_47  | 4679  | 1      | 2201   | + | 2201 |
| se1_48  | 4709  | 1      | 2193   | + | 2193 |
| se1_49  | 4750  | 2184   | 1      | - | 2184 |
| se1_50  | 49    | 199574 | 197831 | - | 1743 |
| se1_51  | 5000  | 1      | 2127   | + | 2127 |
| se1_52c | 503   | 1432   | 8526   | + | 7095 |
| se1_53  | 5338  | 2036   | 1      | - | 1989 |
| se1_54  | 5460  | 2      | 2021   | + | 2020 |
| se1_55  | 5656  | 1984   | 1      | - | 1984 |
| se1_56  | 5682  | 3      | 1981   | + | 1979 |
| se1_57  | 5685  | 1      | 1981   | + | 1981 |
| se1_58  | 5706  | 1976   | 2      | - | 1975 |
| se1_59  | 5983  | 1      | 1928   | + | 1928 |
| se1_60  | 6012  | 1921   | 428    | - | 1494 |
| se1_61  | 6075  | 1910   | 31     | - | 1880 |
| se1_62  | 6097  | 1907   | 1      | - | 1907 |
| se1_63  | 625   | 4251   | 1      | - | 4251 |
| se1_64  | 6575  | 28     | 1826   | + | 1799 |
| se1_65  | 6778  | 7      | 1795   | + | 1789 |
| se1_66  | 6845  | 1      | 1785   | + | 1785 |
| se1_67  | 692   | 7556   | 165    | - | 7392 |
| se1_68  | 6960  | 94     | 1769   | + | 1676 |
| se1_69  | 7057  | 1755   | 364    | - | 1392 |
| se1_70  | 7188  | 1737   | 1      | - | 1737 |
| se1_71  | 7449  | 1      | 1701   | + | 1701 |
| se1_72  | 7774  | 33     | 1513   | + | 1481 |
| se1_73  | 790   | 4366   | 1      | - | 4366 |
| se1_74  | 8223  | 1      | 1612   | + | 1609 |
| se1_75  | 831   | 647    | 6702   | + | 6056 |
| se1_76  | 8479  | 75     | 1585   | + | 1511 |
| se1_77  | 869   | 4      | 4375   | + | 4372 |
| se1_78  | 896   | 433    | 5887   | + | 5455 |
| se1_79  | 9099  | 1437   | 1      | - | 1437 |
| se1_80  | 9123  | 1515   | 1      | - | 1515 |
| se1_81  | 916   | 865    | 2967   | + | 2103 |
| se1_82  | 9377  | 1      | 1486   | + | 1486 |
| se1_83  | 9423  | 1478   | 1      | - | 1478 |
| se1_84  | 981   | 77     | 6022   | + | 5946 |
| se1_85  | 9858  | 1409   | 462    | - | 948  |
| se1_86c | 98    | 36842  | 29472  | - | 7371 |
| se2_1   | 9482  | 1474   | 703    | - | 772  |
| se2_2c  | 119   | 17182  | 9628   | - | 7555 |
| se2_3   | 11907 | 1217   | 1      | - | 1217 |
| se2_4   | 1224  | 3902   | 1      | - | 3902 |

Continuação Tabela 18.

|         |       |         |         |   |      |
|---------|-------|---------|---------|---|------|
| se2_5   | 12281 | 241     | 1177    | + | 937  |
| se2_6   | 1233  | 2933    | 1       | - | 2933 |
| se2_7   | 1270  | 1       | 4573    | + | 4573 |
| se2_8c  | 134   | 8756    | 1269    | - | 7488 |
| se2_9   | 1364  | 5271    | 526     | - | 4746 |
| se2_10  | 140   | 49848   | 45497   | - | 4352 |
| se2_11  | 14268 | 884     | 1       | - | 884  |
| se2_12  | 1474  | 2935    | 4483    | + | 1549 |
| se2_13  | 154   | 57757   | 58122   | + | 366  |
| se2_14  | 156   | 9304    | 4151    | - | 5154 |
| se2_15c | 157   | 19278   | 25730   | + | 6453 |
| se2_16  | 1575  | 909     | 4955    | + | 4047 |
| se2_17  | 1658  | 3456    | 3050    | - | 407  |
| se2_18  | 1790  | 3098    | 2682    | - | 417  |
| se2_19  | 191   | 18513   | 25191   | + | 6679 |
| se2_20  | 223   | 9597    | 1       | - | 9597 |
| se2_21  | 2498  | 1645    | 1       | - | 1645 |
| se2_22  | 2611  | 1387    | 2627    | + | 1241 |
| se2_23  | 1065  | 1       | 772     | + | 772  |
| se2_24  | 2878  | 67      | 2929    | + | 2863 |
| se2_25  | 2897  | 1003    | 2917    | + | 1915 |
| se2_26  | 2953  | 2065    | 2882    | + | 818  |
| se2_27  | 2968  | 1517    | 1935    | + | 419  |
| se2_28  | 3078  | 2798    | 1488    | - | 1311 |
| se2_29c | 309   | 10047   | 526     | - | 9522 |
| se2_30  | 3252  | 42      | 2693    | + | 2652 |
| se2_31  | 10751 | 24      | 1342    | + | 1319 |
| se2_32  | 3344  | 2587    | 2171    | - | 417  |
| se2_33  | 3550  | 1688    | 1       | - | 1688 |
| se2_34  | 3578  | 110     | 2543    | + | 2434 |
| se2_35  | 3944  | 1977    | 2397    | + | 421  |
| se2_36  | 395   | 254     | 538     | + | 285  |
| se2_37  | 3982  | 2060    | 1       | - | 2060 |
| se2_38  | 3989  | 2390    | 1393    | - | 998  |
| se2_39  | 11045 | 1310    | 1       | - | 1310 |
| se2_40  | 429   | 2429    | 7507    | + | 5079 |
| se2_41  | 435   | 7717    | 3685    | - | 4033 |
| se2_42  | 448   | 7322    | 1322    | - | 6001 |
| se2_43  | 464   | 1       | 7042    | + | 7042 |
| se2_44  | 4671  | 1       | 2203    | + | 2203 |
| se2_45c | 477   | 8890    | 718     | - | 8173 |
| se2_46  | 4811  | 2168    | 1       | - | 2168 |
| se2_47  | 484   | 10570   | 9700    | - | 871  |
| se2_48  | 4978  | 2132    | 1637    | - | 496  |
| se2_49  | 5     | 72114   | 65051   | - | 7064 |
| se2_50  | 11225 | 1290    | 1       | - | 1290 |
| se2_51  | 5452  | 1362    | 380     | - | 983  |
| se2_52  | 6173  | 1895    | 452     | - | 1444 |
| se2_53  | 6482  | 492     | 1       | - | 492  |
| se2_54  | 6494  | 1837    | 689     | - | 1149 |
| se2_55  | 6542  | 656     | 1831    | + | 1176 |
| se2_56  | 661   | 2142    | 1861    | - | 282  |
| se2_57  | 11339 | 1280    | 958     | - | 323  |
| se2_58  | 673   | 1       | 6198    | + | 6198 |
| se2_59  | 697   | 1       | 2078    | + | 2078 |
| se2_60  | 7208  | 286     | 1733    | + | 1448 |
| se2_61  | 7488  | 1697    | 121     | - | 1577 |
| se2_62  | 774   | 3795    | 7582    | + | 3788 |
| se2_63  | 7853  | 1604    | 1       | - | 1604 |
| se2_64  | 794   | 7197    | 6742    | - | 456  |
| se2_65c | 115   | 81260   | 87497   | + | 6238 |
| se2_66  | 8055  | 1       | 915     | + | 915  |
| se2_67  | 8458  | 79      | 505     | + | 427  |
| se2_68  | 8876  | 1       | 1540    | + | 1540 |
| se2_69  | 9006  | 1527    | 977     | - | 551  |
| se2_70  | 91    | 54842   | 57404   | + | 2563 |
| se2_71  | 92    | 1       | 7930    | + | 7930 |
| se2_72  | 117   | 73569   | 69227   | - | 4343 |
| yk1     | 2R    | 2960814 | 2962669 | + | 1856 |

Continuação Tabela 18.

|        |                    |          |          |   |      |
|--------|--------------------|----------|----------|---|------|
| yk2    | 3L                 | 23686680 | 23685516 | - | 1165 |
| yk3    | 3L                 | 23684958 | 23683374 | - | 1585 |
| yk4    | chr2h              | 163352   | 166807   | + | 3456 |
| yk5    | chr3h              | 190775   | 188151   | - | 2625 |
| yk6    | v2_chr2h_random_4  | 858680   | 859717   | + | 1038 |
| yk7    | v2_chr2h_random_4  | 849743   | 850243   | + | 495  |
| yk8    | v2_chr2h_random_4  | 527626   | 520930   | - | 6697 |
| yk9    | v2_chr2h_random_5  | 119632   | 121075   | + | 1444 |
| yk10   | v2_chr2h_random_5  | 117019   | 118958   | + | 1940 |
| yk11   | v2_chr2h_random_5  | 133153   | 135887   | + | 2735 |
| *yk12c | v2_chr2h_random_26 | 383531   | 390555   | + | 7025 |
| yk13   | v2_chr2L_random_31 | 129880   | 128608   | - | 1273 |
| yk14   | v2_chr2L_random_31 | 130256   | 128219   | - | 2038 |
| yk15   | v2_chr2L_random_31 | 68260    | 67999    | - | 262  |
| yk16   | v2_chr2L_random_31 | 75924    | 75574    | - | 351  |
| yk17   | v2_chr2L_random_31 | 74954    | 68627    | - | 6328 |
| yk18   | v2_chr3h_random_4  | 1745     | 3524     | + | 1780 |
| yk19   | v2_chr3h_random_4  | 870      | 1049     | + | 180  |
| yk20   | v2_chr3L_random_80 | 13554    | 13110    | - | 445  |
| yk21   | v2_chrUh_7         | 23887    | 25398    | + | 1512 |
| yk22   | v2_chrUn_4         | 56086    | 57256    | + | 1171 |
| yk23   | v2_chrUn_1285      | 2359     | 1        | - | 2359 |
| yk24   | v2_chrUn_1347      | 2414     | 1        | - | 2414 |
| yk25   | v2_chrUn_1394      | 27430    | 34061    | - | 6632 |
| yk26   | v2_chrUn_176       | 3236     | 1541     | - | 1696 |
| yk27   | v2_chrUn_1901      | 1        | 1508     | + | 1508 |
| yk28c  | v2_chrUn_258       | 8548     | 1753     | - | 6796 |
| yk29   | v2_chrUn_3301      | 1        | 1346     | + | 1346 |
| yk30   | v2_chrUn_3319      | 11275    | 9876     | - | 1400 |
| yk31   | v2_chrUn_3319      | 9226     | 9138     | - | 89   |
| yk32   | v2_chrUn_3411      | 5401     | 6507     | + | 1106 |
| yk33   | v2_chrUn_3411      | 13492    | 13804    | + | 313  |
| yk34   | v2_chrUn_3411      | 16883    | 16246    | - | 638  |
| yk35   | v2_chrUn_3601      | 994      | 612      | - | 383  |
| yk36   | v2_chrUn_388       | 1844     | 5753     | + | 3910 |
| yk37   | v2_chrUn_4069      | 7864     | 5959     | - | 1906 |
| yk38   | v2_chrUn_4356      | 18705    | 19128    | + | 424  |
| yk39   | v2_chrUn_4588      | 634      | 1014     | + | 381  |
| yk40   | v2_chrUn_4734      | 6794     | 8342     | + | 1549 |
| yk41   | v2_chrUn_493       | 5053     | 2511     | - | 2543 |
| yk42   | v2_chrUn_5157      | 1        | 1838     | + | 1838 |
| yk43   | v2_chrUn_5405      | 180347   | 178385   | - | 1963 |
| yk44   | v2_chrUn_6861      | 1640     | 6666     | + | 5027 |
| yk45   | v2_chrUn_6915      | 2104     | 1888     | - | 217  |
| yk46   | v2_chrUn_6915      | 8467     | 7930     | - | 726  |
| er1    | 1284               | 1        | 1052     | + | 1052 |
| er2    | 1293               | 1427     | 1125     | - | 303  |
| er3    | 1761               | 1493     | 1191     | - | 303  |
| er4    | 1761               | 346      | 135      | - | 212  |
| er5    | 2694               | 563      | 973      | + | 411  |
| er6    | 2881               | 5026     | 1171     | - | 3856 |
| er7    | 291                | 630      | 1837     | + | 1208 |
| er8    | 291                | 630      | 713      | + | 84   |
| er9    | 3254               | 7609     | 4667     | - | 2943 |
| er10   | 3340               | 13697    | 14425    | + | 729  |
| er11   | 3342               | 1        | 5349     | + | 5349 |
| er12   | 3350               | 5980     | 5816     | - | 165  |
| er13   | 3476               | 31262    | 31062    | - | 201  |
| er14   | 347                | 614      | 203      | - | 412  |
| er15   | 3490               | 7425     | 2759     | - | 4667 |
| er16   | 3538               | 15557    | 15859    | + | 303  |
| er17   | 3538               | 16064    | 16184    | + | 121  |
| er18   | 3538               | 17375    | 17586    | + | 212  |
| er19   | 3538               | 17660    | 17751    | + | 92   |
| er20   | 3538               | 6690     | 6992     | + | 303  |
| er21   | 3538               | 7197     | 7317     | + | 121  |
| er22   | 3538               | 8508     | 8719     | + | 212  |
| er23   | 3538               | 8793     | 8884     | + | 92   |
| er24   | 3612               | 6873     | 7663     | + | 791  |

Continuação Tabela 18.

|        |       |          |          |   |      |
|--------|-------|----------|----------|---|------|
| er25   | 4188  | 250      | 108      | - | 143  |
| er26   | 4508  | 7948     | 1010     | - | 6939 |
| er27   | 4514  | 6834     | 1        | - | 6834 |
| er28   | 4517  | 300      | 484      | + | 185  |
| er29   | 4584  | 1554     | 1        | - | 1554 |
| er30   | 4685  | 90008    | 92124    | + | 2117 |
| er31c  | 4690  | 18034061 | 18026620 | - | 7442 |
| er32   | 4690  | 18115732 | 18115321 | - | 412  |
| er33   | 4747  | 9508     | 5343     | - | 4166 |
| er34   | 4770  | 3469     | 1        | - | 3469 |
| er35   | 4784  | 23305356 | 23305658 | + | 303  |
| er36   | 4784  | 23305863 | 23305983 | + | 121  |
| er37   | 4784  | 23307174 | 23307385 | + | 212  |
| er38c  | 4784  | 23710374 | 23717661 | + | 7288 |
| er39   | 4784  | 24921931 | 24921520 | - | 412  |
| er40   | 4839  | 44469    | 44225    | - | 245  |
| er41   | 4839  | 44979    | 44819    | - | 161  |
| er42c  | 4845  | 1478848  | 1471528  | - | 7321 |
| er43   | 4845  | 205216   | 205091   | - | 126  |
| er44   | 4845  | 206551   | 205911   | - | 641  |
| er45   | 4845  | 497684   | 497600   | - | 85   |
| er46   | 4848  | 34629    | 34449    | - | 181  |
| er47   | 4848  | 35232    | 35097    | - | 136  |
| er48   | 4855  | 60585    | 60277    | - | 309  |
| er49c  | 4855  | 7815     | 397      | - | 7419 |
| er50   | 4895  | 260343   | 260197   | - | 147  |
| er51   | 4895  | 421754   | 421870   | + | 117  |
| er52   | 4895  | 421916   | 422025   | + | 110  |
| er53   | 4895  | 425255   | 425363   | + | 109  |
| er54   | 4895  | 429642   | 429476   | - | 167  |
| er55   | 4895  | 429942   | 429707   | - | 236  |
| er56   | 4910  | 1205     | 1123     | - | 83   |
| er57   | 4929  | 21225272 | 21225456 | + | 185  |
| er58   | 4929  | 21661469 | 21661639 | + | 171  |
| er59   | 4929  | 21665840 | 21666010 | + | 171  |
| er60   | 4929  | 22638406 | 22638505 | + | 100  |
| er61   | 4929  | 22900963 | 22900872 | - | 92   |
| er62   | 4929  | 22901248 | 22901037 | - | 212  |
| er63   | 4929  | 22902559 | 22902439 | - | 121  |
| er64   | 4929  | 24261976 | 24261863 | - | 114  |
| er65   | 4929  | 24428014 | 24428178 | + | 165  |
| er66c  | 4929  | 24481199 | 24488633 | + | 7435 |
| er67   | 4929  | 24965144 | 24965048 | - | 97   |
| er68   | 4929  | 24965570 | 24965326 | - | 245  |
| er69c  | 4929  | 25331855 | 25338870 | + | 7016 |
| *er70c | 4929  | 25338459 | 25345893 | + | 7435 |
| er71   | 4929  | 25604220 | 25604029 | - | 192  |
| er72   | 4929  | 25616560 | 25616668 | + | 109  |
| er73   | 4929  | 26336841 | 26336714 | - | 128  |
| er74   | 4929  | 26338463 | 26338363 | - | 101  |
| er75   | 4931  | 5470     | 5352     | - | 119  |
| er76   | 496   | 671      | 1        | - | 671  |
| er77   | 497   | 1731     | 5352     | + | 3622 |
| er78   | 498   | 3        | 314      | + | 312  |
| er79   | 597   | 2494     | 2260     | - | 235  |
| er80   | 597   | 2653     | 2540     | - | 114  |
| er81   | 597   | 389      | 7        | - | 383  |
| an1    | 10072 | 1        | 1307     | + | 1307 |
| an2    | 10136 | 523      | 334      | - | 190  |
| an3    | 10167 | 1        | 2086     | + | 2086 |
| an4c   | 10225 | 46671    | 54808    | + | 8138 |
| an5    | 10297 | 1463     | 299      | - | 1165 |
| an6    | 10321 | 9393     | 10786    | + | 1394 |
| an7    | 10337 | 3439     | 2554     | - | 886  |
| an8    | 1033  | 5683     | 6342     | + | 660  |
| an9    | 1041  | 666      | 1292     | + | 627  |
| an10   | 10571 | 2733     | 3        | - | 2731 |
| an11   | 10587 | 1231     | 323      | - | 909  |
| an12   | 10635 | 1342     | 1        | - | 1342 |

Continuação Tabela 18.

|               |       |         |         |   |      |
|---------------|-------|---------|---------|---|------|
| <b>an13</b>   | 10714 | 2432    | 1       | - | 2432 |
| <b>an14</b>   | 10751 | 677     | 3949    | + | 3273 |
| <b>an15</b>   | 10752 | 751     | 5277    | + | 4527 |
| <b>an16</b>   | 10759 | 1       | 1144    | + | 1144 |
| <b>an17</b>   | 10780 | 487     | 2214    | + | 1728 |
| <b>an18</b>   | 10840 | 695     | 1234    | + | 540  |
| <b>an19</b>   | 10925 | 84      | 1255    | + | 1172 |
| <b>an20</b>   | 10934 | 1       | 974     | + | 974  |
| <b>an21</b>   | 10937 | 445     | 988     | + | 544  |
| <b>an22</b>   | 11295 | 1212    | 1       | - | 1210 |
| <b>an23</b>   | 1137  | 1623    | 1       | - | 1623 |
| <b>an24</b>   | 11536 | 1       | 2062    | + | 2062 |
| <b>an25</b>   | 11537 | 1       | 1495    | + | 1495 |
| <b>an26</b>   | 1154  | 55      | 878     | + | 824  |
| <b>an27</b>   | 11699 | 1       | 1212    | + | 1212 |
| <b>an28</b>   | 11741 | 1       | 2157    | + | 3622 |
| <b>an29</b>   | 1176  | 1       | 1262    | + | 2501 |
| <b>an30</b>   | 11823 | 38853   | 37441   | - | 1413 |
| <b>an31</b>   | 11886 | 1       | 1144    | + | 1144 |
| <b>an32</b>   | 11891 | 1312    | 739     | - | 574  |
| <b>an33</b>   | 11946 | 1       | 1027    | + | 1027 |
| <b>an34</b>   | 12118 | 961     | 308     | - | 654  |
| <b>an35</b>   | 12164 | 3984    | 2147    | - | 1838 |
| <b>an36</b>   | 1218  | 1       | 818     | + | 818  |
| <b>an37</b>   | 12205 | 4220    | 1       | - | 4220 |
| <b>an38</b>   | 1222  | 143     | 1624    | + | 1482 |
| <b>an39</b>   | 12249 | 1       | 397     | + | 397  |
| <b>an40</b>   | 12334 | 2763    | 1745    | - | 1019 |
| <b>an41</b>   | 12390 | 1       | 5100    | + | 5100 |
| <b>an42</b>   | 12461 | 1599    | 1       | - | 1599 |
| <b>an43</b>   | 12464 | 204     | 2285    | + | 2082 |
| <b>an44</b>   | 12484 | 1895    | 2899    | + | 1005 |
| <b>an45c</b>  | 12586 | 144426  | 152534  | + | 8109 |
| <b>an46</b>   | 12586 | 348617  | 350218  | + | 1602 |
| <b>an47</b>   | 12586 | 355076  | 354520  | - | 557  |
| <b>an48</b>   | 12586 | 587741  | 588152  | + | 412  |
| <b>an49</b>   | 12693 | 1       | 1103    | + | 1103 |
| <b>an50</b>   | 12717 | 98125   | 98707   | + | 583  |
| <b>an51</b>   | 12740 | 167     | 1225    | + | 1059 |
| <b>an52</b>   | 12902 | 487674  | 484332  | - | 3343 |
| <b>an53</b>   | 12905 | 357465  | 356599  | - | 867  |
| <b>an54c</b>  | 12911 | 489570  | 497641  | + | 8071 |
| <b>an55c</b>  | 12911 | 570181  | 578190  | + | 8010 |
| <b>an56</b>   | 12911 | 669344  | 671407  | + | 2064 |
| <b>an57</b>   | 12943 | 186819  | 189419  | + | 2601 |
| <b>an58</b>   | 12943 | 197233  | 198464  | + | 1232 |
| <b>an59</b>   | 12943 | 198465  | 200797  | + | 2333 |
| <b>an60</b>   | 12944 | 65817   | 64736   | - | 1082 |
| <b>an61</b>   | 12947 | 856680  | 848551  | - | 8130 |
| <b>an62</b>   | 12948 | 43642   | 48964   | + | 5323 |
| <b>an63</b>   | 12948 | 86792   | 90882   | + | 4091 |
| <b>an64</b>   | 12948 | 93453   | 90882   | - | 2572 |
| <b>an65</b>   | 12959 | 6813    | 5368    | - | 1444 |
| <b>an66</b>   | 12982 | 11014   | 6409    | - | 4606 |
| <b>an67c</b>  | 13010 | 137803  | 128829  | - | 8975 |
| <b>*an68c</b> | 13010 | 354265  | 362357  | + | 8093 |
| <b>an69</b>   | 13034 | 1900511 | 1902824 | + | 2314 |
| <b>an70c</b>  | 13034 | 688362  | 696458  | + | 8097 |
| <b>an71</b>   | 13040 | 53937   | 48727   | - | 5211 |
| <b>an72c</b>  | 13079 | 336999  | 344964  | + | 7965 |
| <b>an73</b>   | 13079 | 611228  | 612668  | + | 1441 |
| <b>an74</b>   | 13099 | 2027486 | 2032718 | + | 5233 |
| <b>an75</b>   | 13099 | 858841  | 857816  | - | 1026 |
| <b>an76</b>   | 13103 | 37270   | 36435   | - | 836  |
| <b>an77</b>   | 13111 | 720602  | 725686  | + | 5085 |
| <b>an78</b>   | 13114 | 10156   | 9619    | - | 538  |
| <b>an79</b>   | 13124 | 6691    | 4389    | - | 2303 |
| <b>an80</b>   | 13137 | 354275  | 352028  | - | 2248 |
| <b>an81</b>   | 13149 | 34816   | 35776   | + | 961  |

Continuação Tabela 18.

|               |       |          |          |   |       |
|---------------|-------|----------|----------|---|-------|
| <b>an82</b>   | 13163 | 30588    | 32109    | + | 1522  |
| <b>an83</b>   | 13165 | 605066   | 603073   | - | 1994  |
| <b>an84</b>   | 13181 | 1164     | 131      | - | 1034  |
| <b>an85</b>   | 13212 | 48314    | 47392    | - | 923   |
| <b>an86</b>   | 13215 | 195      | 1627     | + | 1433  |
| <b>an87</b>   | 13224 | 36722    | 37263    | + | 542   |
| <b>an88</b>   | 13230 | 1299853  | 1301971  | + | 2119  |
| <b>an89</b>   | 13230 | 1485265  | 1491300  | + | 6036  |
| <b>an90c</b>  | 13230 | 1879109  | 1890167  | + | 11059 |
| <b>an91</b>   | 13230 | 285700   | 278123   | - | 7578  |
| <b>an92</b>   | 13230 | 3557020  | 3560405  | + | 3386  |
| <b>an93</b>   | 13236 | 49967    | 48793    | - | 1175  |
| <b>an94</b>   | 13248 | 4619062  | 4622842  | + | 3781  |
| <b>an95c</b>  | 13250 | 1879278  | 1887386  | + | 8109  |
| <b>an96</b>   | 13250 | 482280   | 479712   | - | 2569  |
| <b>an97</b>   | 13258 | 727177   | 727607   | + | 431   |
| <b>an98c</b>  | 13260 | 518146   | 510042   | - | 8105  |
| <b>an99</b>   | 13260 | 582025   | 587259   | + | 5235  |
| <b>an100</b>  | 13260 | 731534   | 732491   | + | 958   |
| <b>an101</b>  | 13274 | 274735   | 273996   | - | 740   |
| <b>an102c</b> | 13277 | 95272    | 104014   | + | 8743  |
| <b>an103</b>  | 13279 | 24187    | 24520    | + | 334   |
| <b>an104</b>  | 13282 | 260325   | 265344   | + | 5020  |
| <b>an105c</b> | 13339 | 2088136  | 2080050  | - | 8087  |
| <b>an106</b>  | 13340 | 14655467 | 14653650 | - | 1818  |
| <b>an107c</b> | 13417 | 4473039  | 4465069  | - | 7971  |
| <b>an108</b>  | 13417 | 5843698  | 5834766  | - | 8933  |
| <b>an109</b>  | 1345  | 1274     | 1        | - | 1274  |
| <b>an110</b>  | 13473 | 4504     | 2682     | - | 1823  |
| <b>an111</b>  | 13499 | 1325474  | 1327097  | + | 1625  |
| <b>an112</b>  | 13499 | 278711   | 275958   | - | 2754  |
| <b>an113</b>  | 13749 | 50720    | 48750    | - | 1971  |
| <b>an114</b>  | 13756 | 67966    | 69460    | + | 1495  |
| <b>an115</b>  | 1378  | 2733     | 30       | - | 2704  |
| <b>an116</b>  | 152   | 2445     | 529      | - | 1917  |
| <b>an117</b>  | 152   | 3051     | 490      | - | 2562  |
| <b>an118</b>  | 1830  | 1        | 1560     | + | 1560  |
| <b>an119</b>  | 1926  | 1108     | 1675     | + | 568   |
| <b>an120</b>  | 1942  | 1        | 3366     | + | 3366  |
| <b>an121</b>  | 2133  | 604      | 1459     | + | 856   |
| <b>an122</b>  | 2177  | 1        | 1187     | + | 1187  |
| <b>an123</b>  | 232   | 2039     | 1097     | - | 943   |
| <b>an124</b>  | 277   | 2901     | 1        | - | 2901  |
| <b>an125</b>  | 278   | 2262     | 91       | - | 2172  |
| <b>an126</b>  | 2967  | 1        | 1015     | + | 1015  |
| <b>an127</b>  | 321   | 1079     | 643      | - | 437   |
| <b>an128</b>  | 3641  | 1003     | 1        | - | 1003  |
| <b>an129</b>  | 365   | 3558     | 1201     | - | 2358  |
| <b>an130</b>  | 3663  | 4628     | 1827     | - | 2802  |
| <b>an131</b>  | 3708  | 3213     | 3431     | + | 219   |
| <b>an132</b>  | 3760  | 3134     | 2073     | - | 1062  |
| <b>an133</b>  | 3843  | 1585     | 1        | - | 1585  |
| <b>an134</b>  | 3886  | 1988     | 3060     | + | 1073  |
| <b>an135</b>  | 3901  | 1415     | 9        | - | 1408  |
| <b>an136</b>  | 3995  | 3054     | 1        | - | 3054  |
| <b>an137</b>  | 400   | 2498     | 1        | - | 2498  |
| <b>an138</b>  | 4226  | 326      | 1        | - | 326   |
| <b>an139</b>  | 444   | 1        | 1528     | + | 1528  |
| <b>an140</b>  | 4450  | 809      | 1        | - | 809   |
| <b>an141</b>  | 4596  | 2010     | 733      | - | 1278  |
| <b>an142</b>  | 4597  | 1337     | 176      | - | 1162  |
| <b>an143</b>  | 4736  | 869      | 1525     | + | 657   |
| <b>an144</b>  | 4920  | 5011     | 191      | - | 4821  |
| <b>an145</b>  | 5087  | 1441     | 187      | - | 1255  |
| <b>an146</b>  | 5088  | 220      | 1688     | + | 1469  |
| <b>an147</b>  | 5113  | 3833     | 3146     | - | 688   |
| <b>an148</b>  | 5314  | 1546     | 1        | - | 1546  |
| <b>an149</b>  | 5315  | 1621     | 2        | - | 1620  |
| <b>an150</b>  | 5534  | 1536     | 374      | - | 1163  |

Continuação Tabela 18.

|       |      |       |       |   |      |
|-------|------|-------|-------|---|------|
| an151 | 5776 | 119   | 792   | + | 674  |
| an152 | 5829 | 4665  | 5945  | + | 1281 |
| an153 | 5923 | 139   | 526   | + | 388  |
| an154 | 6185 | 1     | 2709  | + | 2709 |
| an155 | 6195 | 562   | 1064  | + | 503  |
| an156 | 6235 | 27    | 1348  | + | 1322 |
| an157 | 63   | 2735  | 1     | - | 2735 |
| an158 | 6534 | 3548  | 1827  | - | 1722 |
| an159 | 6576 | 3096  | 2668  | - | 429  |
| an160 | 6590 | 128   | 1370  | + | 1243 |
| an161 | 6601 | 1976  | 1     | - | 1976 |
| an162 | 6602 | 1624  | 1     | - | 1624 |
| an163 | 6613 | 1269  | 110   | - | 1160 |
| an164 | 6964 | 49    | 2869  | + | 2821 |
| an165 | 7235 | 1252  | 151   | - | 1102 |
| an166 | 7371 | 1     | 1626  | + | 1626 |
| an167 | 7437 | 1477  | 180   | - | 1298 |
| an168 | 7485 | 1119  | 156   | - | 964  |
| an169 | 7659 | 330   | 1744  | + | 1420 |
| an170 | 7703 | 1     | 4513  | + | 4513 |
| an171 | 7722 | 558   | 1181  | + | 624  |
| an172 | 7745 | 1075  | 1     | - | 1075 |
| an173 | 7749 | 12363 | 7011  | - | 5353 |
| an174 | 786  | 332   | 907   | + | 576  |
| an175 | 7991 | 1516  | 216   | - | 1301 |
| an176 | 8055 | 1767  | 2661  | + | 895  |
| an177 | 8109 | 2801  | 3685  | + | 885  |
| an178 | 8279 | 1     | 4743  | + | 4743 |
| an179 | 8280 | 2110  | 1701  | - | 410  |
| an180 | 8282 | 2442  | 1218  | - | 1225 |
| an181 | 8344 | 1240  | 159   | - | 1082 |
| an182 | 8369 | 5022  | 3325  | - | 3185 |
| an183 | 8369 | 5030  | 1800  | - | 3231 |
| an184 | 8413 | 1194  | 430   | - | 765  |
| an185 | 847  | 320   | 1702  | + | 1383 |
| an186 | 8501 | 1495  | 1     | - | 1495 |
| an187 | 862  | 1     | 481   | + | 481  |
| an188 | 8804 | 1     | 1223  | + | 1223 |
| an189 | 8854 | 3948  | 1     | - | 3948 |
| an190 | 8936 | 1     | 3919  | + | 3919 |
| an191 | 8964 | 7973  | 9699  | + | 1727 |
| an192 | 897  | 2626  | 1     | - | 2626 |
| an193 | 898  | 893   | 1     | - | 893  |
| an194 | 9048 | 6318  | 4772  | - | 1547 |
| an195 | 904  | 1636  | 1     | - | 1636 |
| an196 | 915  | 3851  | 4350  | + | 500  |
| an197 | 9252 | 3010  | 3639  | + | 630  |
| an198 | 9269 | 1     | 1388  | + | 1388 |
| an199 | 9321 | 7253  | 8262  | + | 1010 |
| an200 | 9387 | 4069  | 2699  | - | 1371 |
| an201 | 9487 | 7827  | 2773  | - | 5055 |
| an202 | 9490 | 810   | 1     | - | 810  |
| an203 | 9576 | 7257  | 5516  | - | 1742 |
| an204 | 9656 | 3241  | 4024  | + | 784  |
| an205 | 965  | 1     | 749   | + | 749  |
| an206 | 9746 | 17761 | 19572 | + | 1812 |
| an207 | 9793 | 12572 | 8693  | - | 3880 |
| an208 | 9794 | 3473  | 4778  | + | 1306 |
| an209 | 9801 | 1     | 2049  | + | 2049 |
| an210 | 9830 | 5536  | 1     | - | 5536 |
| an211 | 9862 | 1817  | 2191  | + | 375  |
| an212 | 998  | 822   | 2245  | + | 1424 |

<sup>1</sup>me = *D. melangogaster*, si = *D. simulans*; se = *D. sechellia*; er = *D. erecta*; yk = *D. yakuba*; an = *D. ananassae*;<sup>2</sup>A letra c̣ junto ao nome da sequência indica as cópias que apresentam ambas LTRs; <sup>3</sup> + sense e - antisense; \* indicam as sequências referências.



## APÊNDICE AA – TABELA 20

**TABELA 20** – Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos da região da integrase das cópias do retrotransposon *412* com tamanho maior 80% do tamanho total (489 pb) de *D. simulans*. Todas as posições contendo deleções foram excluídas, permanecendo 107 pb.

|             | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14  | 15  | 16  | 17  |
|-------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-----|-----|-----|-----|
| 1. dsi47    |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |
| 2. dsi86    | 0,000 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |
| 3. dsi18    | 0,051 | 0,051 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |
| 4. dsi19    | 0,133 | 0,133 | 0,114 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |
| 5. dsi12    | 0,065 | 0,065 | 0,041 | 0,097 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |
| 6. dsi79    | 0,109 | 0,109 | 0,112 | 0,060 | 0,096 |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |
| 7. dsi54    | 0,114 | 0,114 | 0,090 | 0,068 | 0,075 | 0,067 |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |
| 8. dsi55    | 0,137 | 0,137 | 0,113 | 0,082 | 0,097 | 0,081 | 0,040 |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |
| 9. dsi40    | 0,138 | 0,138 | 0,113 | 0,083 | 0,097 | 0,081 | 0,040 | 0,000 |       |       |       |       |       |     |     |     |     |
| 10. dsi87   | 0,137 | 0,137 | 0,112 | 0,082 | 0,096 | 0,081 | 0,040 | 0,000 | 0,000 |       |       |       |       |     |     |     |     |
| 11. dsi62   | 0,123 | 0,123 | 0,098 | 0,068 | 0,082 | 0,067 | 0,026 | 0,013 | 0,013 | 0,013 |       |       |       |     |     |     |     |
| 12. dsi109c | 0,122 | 0,122 | 0,098 | 0,068 | 0,082 | 0,067 | 0,026 | 0,013 | 0,013 | 0,013 | 0,000 |       |       |     |     |     |     |
| 13. dsi37   | 0,122 | 0,122 | 0,097 | 0,040 | 0,082 | 0,039 | 0,053 | 0,060 | 0,060 | 0,060 | 0,047 | 0,046 |       |     |     |     |     |
| 14. dsi101  | 0,107 | 0,107 | 0,083 | 0,026 | 0,067 | 0,026 | 0,039 | 0,060 | 0,053 | 0,053 | 0,040 | 0,040 | 0,013 |     |     |     |     |
| 15. dsi31c  | 0,108 | 0,108 | 0,083 | 0,027 | 0,068 | 0,020 | 0,040 | 0,054 | 0,054 | 0,053 | 0,040 | 0,040 | 0,013 | 0,0 |     |     |     |
| 16. dsi22   | 0,107 | 0,107 | 0,083 | 0,026 | 0,068 | 0,026 | 0,040 | 0,053 | 0,053 | 0,053 | 0,040 | 0,040 | 0,013 | 0,0 | 0,0 |     |     |
| 17. dsi53   | 0,107 | 0,107 | 0,083 | 0,026 | 0,068 | 0,026 | 0,040 | 0,053 | 0,053 | 0,053 | 0,040 | 0,040 | 0,013 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |     |
| 18. dsi56   | 0,107 | 0,107 | 0,083 | 0,026 | 0,068 | 0,026 | 0,040 | 0,053 | 0,053 | 0,053 | 0,040 | 0,040 | 0,013 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |

APÊNDICE AB – TABELA 21

**TABELA 21** – Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos da região da integração das cópias do retrotransposon 412 com tamanho maior 80% do tamanho total (489 pb) de *D. sechellia*. Todas as posições contendo deleções foram excluídas, permanecendo 68 pb.

|             | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14    | 15    | 16    | 17    | 18    | 19    | 20    | 21    | 22    | 23    | 24    | 25    | 26    | 27    | 28    | 29    |  |
|-------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|--|
| 1. se1_1    |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 2. se1_2c   | 0,027 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 3. se1_9    | 0,027 | 0,055 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 4. se1_14   | 0,0   | 0,027 | 0,027 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 5. se1_21c  | 0,0   | 0,027 | 0,027 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 6. se1_22   | 0,028 | 0,041 | 0,056 | 0,027 | 0,027 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 7. se1_23   | 0,027 | 0,055 | 0,055 | 0,027 | 0,027 | 0,056 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 8. se1_24c  | 0,0   | 0,027 | 0,027 | 0,0   | 0,0   | 0,028 | 0,027 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 9. se1_26   | 0,056 | 0,085 | 0,071 | 0,056 | 0,055 | 0,086 | 0,085 | 0,056 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 10. se1_29  | 0,027 | 0,055 | 0,055 | 0,027 | 0,027 | 0,056 | 0,0   | 0,027 | 0,085 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 11. se1_30  | 0,0   | 0,027 | 0,027 | 0,0   | 0,0   | 0,028 | 0,027 | 0,0   | 0,056 | 0,027 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 12. se1_31  | 0,027 | 0,055 | 0,056 | 0,027 | 0,027 | 0,056 | 0,055 | 0,027 | 0,055 | 0,027 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 13. se2_2c  | 0,0   | 0,027 | 0,027 | 0,0   | 0,0   | 0,028 | 0,027 | 0,0   | 0,056 | 0,027 | 0,0   | 0,027 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 14. se2_6   | 0,027 | 0,054 | 0,055 | 0,027 | 0,027 | 0,055 | 0,054 | 0,027 | 0,027 | 0,054 | 0,027 | 0,0   | 0,027 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 15. se2_7   | 0,0   | 0,027 | 0,027 | 0,0   | 0,0   | 0,028 | 0,027 | 0,0   | 0,056 | 0,027 | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,027 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 16. se2_8c  | 0,027 | 0,055 | 0,056 | 0,027 | 0,027 | 0,056 | 0,055 | 0,027 | 0,027 | 0,055 | 0,027 | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,027 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 17. se2_10  | 0,027 | 0,054 | 0,055 | 0,027 | 0,026 | 0,055 | 0,054 | 0,027 | 0,084 | 0,054 | 0,027 | 0,055 | 0,027 | 0,054 | 0,027 | 0,054 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 18. se2_11  | 0,0   | 0,027 | 0,027 | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,027 | 0,0   | 0,056 | 0,027 | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,027 | 0,027 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 19. se2_12  | 0,0   | 0,027 | 0,027 | 0,0   | 0,0   | 0,028 | 0,027 | 0,0   | 0,056 | 0,027 | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,027 | 0,027 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 20. se2_15c | 0,0   | 0,027 | 0,027 | 0,0   | 0,0   | 0,028 | 0,027 | 0,0   | 0,056 | 0,027 | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,027 | 0,027 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 21. se2_19  | 0,028 | 0,056 | 0,056 | 0,028 | 0,027 | 0,057 | 0,056 | 0,028 | 0,028 | 0,056 | 0,028 | 0,0   | 0,028 | 0,0   | 0,028 | 0,0   | 0,055 | 0,028 | 0,028 | 0,028 | 0,028 |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 22. se2_20  | 0,0   | 0,027 | 0,027 | 0,0   | 0,0   | 0,028 | 0,027 | 0,0   | 0,056 | 0,027 | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,027 | 0,027 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,028 |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 23. se2_29c | 0,0   | 0,027 | 0,027 | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,027 | 0,0   | 0,055 | 0,027 | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,027 | 0,027 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |  |
| 24. se2_30  | 0,027 | 0,055 | 0,056 | 0,027 | 0,027 | 0,056 | 0,055 | 0,027 | 0,086 | 0,055 | 0,027 | 0,056 | 0,027 | 0,055 | 0,027 | 0,055 | 0,027 | 0,056 | 0,027 | 0,027 | 0,056 | 0,027 | 0,027 |       |       |       |       |       |       |  |
| 25. se2_39  | 0,027 | 0,055 | 0,056 | 0,027 | 0,027 | 0,056 | 0,055 | 0,027 | 0,027 | 0,055 | 0,027 | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,055 | 0,027 | 0,056 | 0,027 | 0,027 | 0,056 | 0,027 | 0,056 |       |       |       |       |       |  |
| 26. se2_41  | 0,027 | 0,055 | 0,056 | 0,027 | 0,027 | 0,056 | 0,055 | 0,027 | 0,085 | 0,055 | 0,027 | 0,056 | 0,027 | 0,055 | 0,027 | 0,055 | 0,027 | 0,054 | 0,027 | 0,027 | 0,056 | 0,027 | 0,027 | 0,056 | 0,056 |       |       |       |       |  |
| 27. se2_42  | 0,027 | 0,055 | 0,056 | 0,027 | 0,027 | 0,056 | 0,055 | 0,027 | 0,027 | 0,055 | 0,027 | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,055 | 0,027 | 0,027 | 0,027 | 0,027 | 0,056 | 0,027 | 0,056 | 0,0   | 0,056 |       |       |       |  |
| 28. se2_43  | 0,027 | 0,055 | 0,0   | 0,027 | 0,027 | 0,056 | 0,055 | 0,027 | 0,071 | 0,055 | 0,027 | 0,056 | 0,027 | 0,055 | 0,027 | 0,056 | 0,027 | 0,056 | 0,027 | 0,027 | 0,056 | 0,027 | 0,027 | 0,056 | 0,056 | 0,056 |       |       |       |  |
| 29. se2_44  | 0,0   | 0,027 | 0,027 | 0,0   | 0,0   | 0,028 | 0,027 | 0,0   | 0,056 | 0,027 | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,027 | 0,027 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,028 | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,027 | 0,027 | 0,027 | 0,027 | 0,027 |  |
| 30. se2_45c | 0,0   | 0,027 | 0,027 | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,027 | 0,0   | 0,055 | 0,027 | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,027 | 0,027 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,027 | 0,027 | 0,027 | 0,027 | 0,0   |  |





## APÊNDICE AC – TABELA 22

**TABELA 22** – Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos da região da integrase das cópias do retrotransposon *412* com tamanho maior 80% do tamanho total (489 pb) de *D. yakuba*. Todas as posições contendo deleções foram excluídas, permanecendo 93 pb.

|           | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14    | 15    |
|-----------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 1. yk13   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 2. yk14   | 0,000 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 3. yk24   | 0,438 | 0,438 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 4. yk27   | 0,397 | 0,397 | 0,220 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 5. yk28c  | 0,381 | 0,381 | 0,198 | 0,016 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 6. yk44   | 0,381 | 0,381 | 0,198 | 0,016 | 0,000 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 7. yk11   | 0,381 | 0,381 | 0,198 | 0,016 | 0,000 | 0,000 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 8. yk8    | 0,381 | 0,381 | 0,198 | 0,016 | 0,000 | 0,000 | 0,000 |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 9. yk 1   | 0,381 | 0,381 | 0,198 | 0,016 | 0,000 | 0,000 | 0,000 | 0,000 |       |       |       |       |       |       |       |
| 10. yk12c | 0,381 | 0,381 | 0,198 | 0,016 | 0,000 | 0,000 | 0,000 | 0,000 | 0,000 |       |       |       |       |       |       |
| 11. yk17  | 0,411 | 0,411 | 0,251 | 0,136 | 0,117 | 0,117 | 0,117 | 0,117 | 0,117 | 0,117 |       |       |       |       |       |
| 12. yk36  | 0,444 | 0,444 | 0,313 | 0,134 | 0,115 | 0,115 | 0,115 | 0,115 | 0,115 | 0,115 | 0,125 |       |       |       |       |
| 13. yk22  | 0,382 | 0,382 | 0,228 | 0,082 | 0,064 | 0,064 | 0,064 | 0,064 | 0,064 | 0,064 | 0,064 | 0,082 | 0,031 |       |       |
| 14. yk3   | 0,402 | 0,402 | 0,226 | 0,064 | 0,047 | 0,047 | 0,047 | 0,047 | 0,047 | 0,047 | 0,064 | 0,063 | 0,015 |       |       |
| 15. yk25  | 0,431 | 0,431 | 0,247 | 0,099 | 0,081 | 0,081 | 0,081 | 0,081 | 0,081 | 0,081 | 0,099 | 0,097 | 0,047 | 0,031 |       |
| 16. yk37  | 0,356 | 0,356 | 0,281 | 0,117 | 0,098 | 0,098 | 0,098 | 0,098 | 0,098 | 0,098 | 0,117 | 0,124 | 0,064 | 0,047 | 0,031 |



APÊNDICE AE – TABELA 24

TABELA 24 – Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos da região da integração das cópias do retrotransposon 412 com tamanho maior 80% do tamanho total (489 pb) de *D. ananassae*. Todas as posições contendo deleções foram excluídas, permanecendo 63 pb.

|           | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14    | 15    | 16    | 17    | 18    | 19    | 20    | 21    | 22    | 23    | 24    | 25    | 26    | 27    | 28    | 29    | 52    | 53    |       |  |
|-----------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|--|
| 1. an102c |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 2. an105c | 0,024 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 3. an107c | 0,0   | 0,024 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 4. an108  | 0,0   | 0,024 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 5. an122  | 0,0   | 0,024 | 0,012 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 6. an129  | 0,0   | 0,024 | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 7. an130  | 0,024 | 0,049 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 8. an134  | 0,051 | 0,078 | 0,051 | 0,051 | 0,051 | 0,051 | 0,078 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 9. an135  | 0,0   | 0,024 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,024 | 0,051 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 10. an142 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,049 | 0,078 | 0,024 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 11. an144 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,049 | 0,078 | 0,024 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 12. an145 | 0,0   | 0,024 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,024 | 0,051 |       | 0,0   | 0,024 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 13. an150 | 0,024 | 0,049 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,049 | 0,077 | 0,024 | 0,049 | 0,024 | 0,024 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 14. an166 | 0,024 | 0,050 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,050 | 0,079 | 0,024 | 0,050 | 0,050 | 0,025 | 0,049 | 0,050 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 15. an157 | 0,024 | 0,049 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,049 | 0,078 | 0,024 | 0,049 | 0,024 | 0,024 | 0,049 | 0,050 | 0,024 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 16. an170 | 0,0   | 0,024 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,024 | 0,051 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 17. an173 | 0,0   | 0,024 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,024 | 0,051 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 18. an178 | 0,0   | 0,024 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,024 | 0,051 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 19. an190 | 0,0   | 0,024 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,024 | 0,051 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 20. an198 | 0,024 | 0,049 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,049 | 0,078 | 0,024 | 0,049 | 0,049 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 21. an210 | 0,0   | 0,024 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,024 | 0,051 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,0   | 0,024 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 22. an21  | 0,0   | 0,024 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,024 | 0,051 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 23. an210 | 0,0   | 0,024 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,024 | 0,051 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 24. an3   | 0,0   | 0,024 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,024 | 0,050 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 25. an30  | 0,0   | 0,024 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,024 | 0,052 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 26. an37  | 0,0   | 0,024 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,024 | 0,051 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 27. an40  | 0,0   | 0,024 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,024 | 0,051 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |  |
| 28. an41  | 0,049 | 0,024 | 0,048 | 0,049 | 0,049 | 0,049 | 0,074 | 0,106 | 0,049 | 0,024 | 0,024 | 0,049 | 0,074 | 0,076 | 0,074 | 0,049 | 0,049 | 0,049 | 0,049 | 0,049 | 0,049 | 0,049 | 0,049 | 0,049 | 0,049 | 0,049 | 0,049 | 0,049 | 0,049 | 0,049 | 0,049 | 0,049 |  |
| 29. an42  | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 |  |
| 30. an45c | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,049 | 0,078 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,049 | 0,050 | 0,049 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 |  |
| 31. an4c  | 0,0   | 0,024 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,024 | 0,051 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 |  |
| 32. an5   | 0,0   | 0,024 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,024 | 0,051 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 |  |
| 33. an52  | 0,024 | 0,049 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,049 | 0,078 | 0,024 | 0,049 | 0,049 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 |  |
| 34. an54c | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,049 | 0,078 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,049 | 0,050 | 0,049 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 |  |
| 35. an55c | 0,0   | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,049 | 0,078 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,049 | 0,050 | 0,049 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 |  |
| 36. an56  | 0,101 | 0,129 | 0,114 | 0,101 | 0,101 | 0,101 | 0,129 | 0,181 | 0,101 | 0,130 | 0,120 | 0,102 | 0,101 | 0,131 | 0,129 | 0,102 | 0,101 | 0,101 | 0,101 | 0,101 | 0,101 | 0,101 | 0,101 | 0,101 | 0,101 | 0,101 | 0,101 | 0,101 | 0,101 | 0,101 | 0,101 | 0,101 |  |
| 37. an61  | 0,024 | 0,048 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,048 | 0,077 | 0,024 | 0,048 | 0,048 | 0,024 | 0,048 | 0,049 | 0,048 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 |  |
| 38. an64  | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,049 | 0,078 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,049 | 0,050 | 0,049 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 |  |
| 39. an65  | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,049 | 0,078 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,049 | 0,050 | 0,049 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 |  |
| 40. an67c | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,049 | 0,078 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,049 | 0,050 | 0,049 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 |  |
| 41. an68c | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,049 | 0,078 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,049 | 0,050 | 0,049 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 |  |
| 42. an69  | 0,024 | 0,050 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,050 | 0,079 | 0,024 | 0,050 | 0,025 | 0,049 | 0,050 | 0,050 | 0,050 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 |  |
| 43. an70c | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,049 | 0,078 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,049 | 0,050 | 0,049 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 |  |
| 44. an71  | 0,0   | 0,024 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,024 | 0,051 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 |  |
| 45. an72c | 0,0   | 0,024 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,024 | 0,051 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,0   | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 | 0,024 |  |
| 46. an74  | 0,0   | 0,024 | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |  |







APÊNDICE AH – TABELA 27

TABELA 27 - Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos de um fragmento da região da integrase das cópias do retrotransposon 412 da população de Delhi (invasora antiga) de *D. melanogaster*. Todas as posições contendo deleções foram excluídas, permanecendo 497 pb.

|         | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14    | 15    | 16    | 17    | 18    | 19    | 20    | 21    | 22    | 23  | 24  | 25  | 26  |
|---------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-----|-----|-----|-----|
| 1-4_1   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |
| 2-4_2   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |
| 3-4_3   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |
| 4-4_5   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |
| 5-4_6   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |
| 6-4_7   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |
| 7-4_8   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |
| 8-4_10  | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |
| 9-4_11  | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |
| 10-4_12 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |
| 11-4_14 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |
| 12-4_15 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |
| 13-4_16 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |
| 14-4_17 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |
| 15-4_18 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |
| 16-4_21 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 |       |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |
| 17-4_22 | 0,133 | 0,133 | 0,133 | 0,133 | 0,133 | 0,133 | 0,133 | 0,133 | 0,133 | 0,133 | 0,133 | 0,133 | 0,133 | 0,133 | 0,143 | 0,133 |       |       |       |       |       |       |     |     |     |     |
| 18-4_24 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,133 |       |       |       |       |       |     |     |     |     |
| 19-4_25 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,133 | 0,0   |       |       |       |       |     |     |     |     |
| 20-4_26 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,133 | 0,0   | 0,0   |       |       |       |     |     |     |     |
| 21-4_27 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,133 | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |     |     |     |     |
| 22-4_28 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,018 | 0,009 | 0,143 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 |       |     |     |     |     |
| 23-4_29 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,133 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 |     |     |     |     |
| 24-4_31 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,133 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0 |     |     |     |
| 25-4_32 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,133 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0 | 0,0 |     |     |
| 26-4_33 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,133 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |     |
| 27-4_34 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,133 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0 | 0,0 | 0,0 | 0,0 |



APÊNDICE AJ – TABELA 29

TABELA 29 - Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos de um fragmento da região da integrase das cópias do retrotransposon 412 da população de Madagascar (ancestral) de *D. simulans*. Todas as posições contendo deleções foram excluídas, permanecendo 434 pb.

|                | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14    | 15    | 16  |
|----------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-----|
| <b>1.5_1</b>   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |
| <b>2.5_2</b>   | 0,041 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |
| <b>3.5_3</b>   | 0,010 | 0,031 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |
| <b>4.5_6</b>   | 0,010 | 0,030 | 0,020 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |
| <b>5.5_7</b>   | 0,020 | 0,020 | 0,010 | 0,010 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |
| <b>6.5_8</b>   | 0,010 | 0,030 | 0,020 | 0,0   | 0,010 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |
| <b>7.5_9</b>   | 0,041 | 0,062 | 0,031 | 0,051 | 0,041 | 0,051 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |
| <b>8.5_10</b>  | 0,010 | 0,030 | 0,020 | 0,0   | 0,010 | 0,0   | 0,051 |       |       |       |       |       |       |       |       |     |
| <b>9.5_11</b>  | 0,010 | 0,030 | 0,020 | 0,0   | 0,010 | 0,0   | 0,051 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |     |
| <b>10.5_14</b> | 0,010 | 0,030 | 0,020 | 0,0   | 0,010 | 0,0   | 0,051 | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |     |
| <b>11.5_16</b> | 0,010 | 0,030 | 0,020 | 0,0   | 0,010 | 0,0   | 0,051 | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |     |
| <b>12.5_18</b> | 0,020 | 0,020 | 0,031 | 0,010 | 0,020 | 0,010 | 0,062 | 0,010 | 0,010 | 0,010 | 0,010 |       |       |       |       |     |
| <b>13.5_19</b> | 0,0   | 0,041 | 0,010 | 0,010 | 0,020 | 0,010 | 0,041 | 0,010 | 0,010 | 0,010 | 0,010 | 0,020 |       |       |       |     |
| <b>14.5_20</b> | 0,020 | 0,041 | 0,010 | 0,030 | 0,020 | 0,030 | 0,020 | 0,030 | 0,030 | 0,030 | 0,030 | 0,041 | 0,020 |       |       |     |
| <b>15.5_21</b> | 0,010 | 0,030 | 0,0   | 0,020 | 0,010 | 0,020 | 0,030 | 0,020 | 0,020 | 0,020 | 0,020 | 0,030 | 0,010 | 0,010 |       |     |
| <b>16.5_4</b>  | 0,0   | 0,041 | 0,010 | 0,010 | 0,020 | 0,010 | 0,041 | 0,010 | 0,010 | 0,010 | 0,010 | 0,020 | 0,0   | 0,020 | 0,010 |     |
| <b>17.5_5</b>  | 0,0   | 0,041 | 0,010 | 0,010 | 0,020 | 0,010 | 0,041 | 0,010 | 0,010 | 0,010 | 0,010 | 0,020 | 0,0   | 0,020 | 0,010 | 0,0 |

APÊNDICE AL – TABELA 30

TABELA 30 - Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos de um fragmento da região da integração das cópias do retrotransposon 412 da população de Zimbábue (ancestral) de *D. simulans*. Todas as posições contendo deleções foram excluídas, permanecendo 483 pb.

|         | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14    | 15    | 16    | 17    | 18    |
|---------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 1.6_1   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 2.6_2   |       | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 3.6_3   |       | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 4.6_4   |       | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 5.6_6   | 0,027 | 0,027 | 0,027 | 0,027 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 6.6_8   | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,018 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 7.6_9   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,009 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 8.6_11  | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,018 | 0,0   | 0,009 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 9.6_12  | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,018 | 0,0   | 0,009 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 10.6_14 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,018 | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 11.6_16 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,018 | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 12.6_19 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,018 | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |
| 13.6_21 | 0,055 | 0,055 | 0,055 | 0,055 | 0,065 | 0,065 | 0,055 | 0,065 | 0,065 | 0,065 | 0,065 | 0,065 |       |       |       |       |       |       |
| 14.6_23 | 0,075 | 0,075 | 0,075 | 0,075 | 0,065 | 0,085 | 0,075 | 0,084 | 0,084 | 0,084 | 0,085 | 0,084 | 0,018 |       |       |       |       |       |
| 15.6_24 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,009 | 0,0   | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,055 | 0,075 |       |       |       |       |
| 16.6_5  | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,009 | 0,0   | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,055 | 0,075 | 0,0   |       |       |       |
| 17.6_10 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,009 | 0,0   | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,055 | 0,075 | 0,0   | 0,0   |       |       |
| 18.6_15 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,018 | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,065 | 0,085 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 |
| 19.6_18 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,009 | 0,0   | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,055 | 0,075 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 |

APÊNDICE AM – TABELA 31

TABELA 31 - Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos de um fragmento da região da integrase das cópias do retrotransposon 412 da população de Draveil (invasora antiga) de *D. simulans*. Todas as posições contendo deleções foram excluídas, permanecendo 515 pb.

|         | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14    | 15    | 16    | 17    | 18    |
|---------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 1.7_1   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 2.7_2   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 3.7_3   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 4.7_4   | 0,017 | 0,017 | 0,017 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 5.7_5   | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 6.7_6   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,017 | 0,009 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 7.7_8   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,017 | 0,009 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 8.7_9   | 0,008 | 0,008 | 0,008 | 0,009 | 0,0   | 0,008 | 0,008 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 9.7_10  | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,0   | 0,009 | 0,009 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 10.7_11 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,0   | 0,009 | 0,009 | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 11.7_13 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,026 | 0,017 | 0,009 | 0,009 | 0,017 | 0,017 | 0,017 |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 12.7_14 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,0   | 0,009 | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,017 |       |       |       |       |       |       |       |
| 13.7_17 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,017 | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 |       |       |       |       |       |       |
| 14.7_18 | 0,026 | 0,026 | 0,026 | 0,026 | 0,017 | 0,026 | 0,026 | 0,017 | 0,017 | 0,017 | 0,035 | 0,017 | 0,026 |       |       |       |       |       |
| 15.7_19 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,017 | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,0   | 0,026 |       |       |       |       |
| 16.7_21 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,017 | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,008 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,0   | 0,026 | 0,0   |       |       |       |
| 17.7_22 | 0,034 | 0,034 | 0,034 | 0,034 | 0,026 | 0,034 | 0,034 | 0,026 | 0,026 | 0,026 | 0,043 | 0,026 | 0,034 | 0,008 | 0,034 | 0,034 |       |       |
| 18.7_23 | 0,062 | 0,062 | 0,062 | 0,062 | 0,071 | 0,062 | 0,062 | 0,071 | 0,071 | 0,071 | 0,071 | 0,071 | 0,062 | 0,053 | 0,062 | 0,062 | 0,043 |       |
| 19.7_24 | 0,101 | 0,101 | 0,101 | 0,101 | 0,110 | 0,101 | 0,101 | 0,110 | 0,110 | 0,110 | 0,110 | 0,110 | 0,101 | 0,091 | 0,101 | 0,101 | 0,080 | 0,072 |

APÊNDICE AN – TABELA 32

TABELA 32 - Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos de um fragmento da região da integrase das cópias do retrotransposon 412 da população de Escócia (invasora antiga) de *D. simulans*. Todas as posições contendo deleções foram excluídas, permanecendo 512 pb.

|         | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14    | 15    | 16    | 17  | 18  |
|---------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-----|-----|
| 1.8_1   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |
| 2.8_2   | 0,035 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |
| 3.8_3   | 0,035 | 0,017 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |
| 4.8_4   | 0,035 | 0,0   | 0,017 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |
| 5.8_5   | 0,035 | 0,0   | 0,017 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |
| 6.8_6   | 0,035 | 0,017 | 0,0   | 0,017 | 0,017 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |
| 7.8_7   | 0,039 | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,0   | 0,017 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |
| 8.8_8   | 0,035 | 0,017 | 0,017 | 0,017 | 0,017 | 0,017 | 0,017 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |
| 9.8_11  | 0,090 | 0,053 | 0,071 | 0,053 | 0,053 | 0,071 | 0,053 | 0,071 |       |       |       |       |       |       |       |       |     |     |
| 10.8_13 | 0,131 | 0,091 | 0,091 | 0,091 | 0,091 | 0,091 | 0,091 | 0,110 | 0,072 |       |       |       |       |       |       |       |     |     |
| 11.8_14 | 0,026 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,008 | 0,008 | 0,062 | 0,101 |       |       |       |       |       |       |     |     |
| 12.8_15 | 0,035 | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,017 | 0,053 | 0,091 | 0,009 |       |       |       |       |       |     |     |
| 13.8_17 | 0,035 | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,017 | 0,053 | 0,091 | 0,009 | 0,0   |       |       |       |       |     |     |
| 14.8_18 | 0,035 | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,017 | 0,053 | 0,091 | 0,009 | 0,0   | 0,0   |       |       |       |     |     |
| 15.8_19 | 0,035 | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,017 | 0,053 | 0,091 | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |     |     |
| 16.8_20 | 0,101 | 0,062 | 0,062 | 0,062 | 0,062 | 0,062 | 0,062 | 0,081 | 0,081 | 0,045 | 0,072 | 0,062 | 0,062 | 0,062 | 0,062 |       |     |     |
| 17.8_22 | 0,035 | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,017 | 0,053 | 0,091 | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,062 |     |     |
| 18.8_23 | 0,035 | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,017 | 0,053 | 0,091 | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,062 | 0,0 |     |
| 19.8_24 | 0,035 | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,0   | 0,017 | 0,0   | 0,017 | 0,053 | 0,091 | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,062 | 0,0 | 0,0 |

APÊNDICE AO – TABELA 33

TABELA 33 - Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos de um fragmento da região da integração das cópias do retrotransposon 412 da população de Florianópolis (invasora recente) de *D. simulans*. Todas as posições contendo deleções foram excluídas, permanecendo 482 pb.

|          | 1 | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14    | 15    | 16    | 17    | 18    | 19    | 20    | 21    |       |
|----------|---|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 1.10_1   |   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 2.10_2   |   | 0,009 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 3.10_3   |   | 0,009 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 4.10_5   |   | 0,037 | 0,027 | 0,027 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 5.10_6   |   | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,027 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 6.10_7   |   | 0,018 | 0,009 | 0,009 | 0,018 | 0,009 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 7.10_8   |   | 0,085 | 0,075 | 0,075 | 0,046 | 0,075 | 0,065 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 8.10_9   |   | 0,009 | 0,018 | 0,018 | 0,046 | 0,018 | 0,027 | 0,095 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 9.10_10  |   | 0,106 | 0,096 | 0,096 | 0,086 | 0,096 | 0,086 | 0,097 | 0,118 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 10.10_11 |   | 0,065 | 0,056 | 0,027 | 0,056 | 0,046 | 0,037 | 0,075 | 0,076 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 11.10_12 |   | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,009 | 0,075 | 0,018 | 0,096 | 0,056 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 12.10_13 |   | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,009 | 0,075 | 0,018 | 0,096 | 0,056 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 13.10_14 |   | 0,0   | 0,009 | 0,009 | 0,037 | 0,009 | 0,018 | 0,085 | 0,009 | 0,107 | 0,065 | 0,009 | 0,009 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 14.10_15 |   | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,009 | 0,075 | 0,018 | 0,096 | 0,056 | 0,0   | 0,0   | 0,009 |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 15.10_16 |   | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,009 | 0,075 | 0,018 | 0,096 | 0,056 | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |
| 16.10_17 |   | 0,046 | 0,037 | 0,037 | 0,009 | 0,037 | 0,027 | 0,056 | 0,056 | 0,037 | 0,037 | 0,037 | 0,046 | 0,037 | 0,037 |       |       |       |       |       |       |       |
| 17.10_18 |   | 0,009 | 0,018 | 0,018 | 0,046 | 0,018 | 0,027 | 0,095 | 0,018 | 0,117 | 0,075 | 0,018 | 0,018 | 0,009 | 0,018 | 0,056 |       |       |       |       |       |       |
| 18.10_19 |   | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,009 | 0,075 | 0,018 | 0,096 | 0,055 | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,037 | 0,018 |       |       |       |       |       |
| 19.10_20 |   | 0,018 | 0,009 | 0,009 | 0,018 | 0,009 | 0,018 | 0,065 | 0,027 | 0,107 | 0,046 | 0,009 | 0,018 | 0,009 | 0,009 | 0,027 | 0,027 | 0,009 |       |       |       |       |
| 20.10_21 |   | 0,0   | 0,009 | 0,009 | 0,037 | 0,009 | 0,018 | 0,085 | 0,009 | 0,107 | 0,065 | 0,009 | 0,009 | 0,0   | 0,009 | 0,046 | 0,009 | 0,009 | 0,018 |       |       |       |
| 21.10_22 |   | 0,018 | 0,009 | 0,009 | 0,037 | 0,009 | 0,018 | 0,065 | 0,027 | 0,086 | 0,046 | 0,009 | 0,018 | 0,009 | 0,009 | 0,046 | 0,027 | 0,009 | 0,018 | 0,018 |       |       |
| 22.10_24 |   | 0,009 | 0,0   | 0,0   | 0,027 | 0,0   | 0,009 | 0,075 | 0,018 | 0,097 | 0,056 | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,037 | 0,018 | 0,0   | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 |

APÊNDICE AP – TABELA 34

**TABELA 34** - Taxa de substituição sinônima por sítios sinônimos de um fragmento da região da integração das cópias do retrotransposon 412 da população de Pernambuco (invasora recente) de *D. simulans*. Todas as posições contendo deleções foram excluídas, permanecendo 459 pb.

|          | 1     | 2     | 3     | 4     | 5     | 6     | 7     | 8     | 9     | 10    | 11    | 12    | 13    | 14    | 15    | 16    |
|----------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 1.12_1   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 2.12_2   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 3.12_4   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 4.12_5   | 0,019 | 0,019 | 0,019 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 5.12_6   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,019 |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 6.12_7   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,019 | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 7.12_10  | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,019 | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 8.12_12  | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,019 | 0,0   | 0,0   | 0,0   |       |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 9.12_13  | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 |       |       |       |       |       |       |       |       |
| 10.12_15 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,019 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 |       |       |       |       |       |       |       |
| 11.12_16 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,009 | 0,019 |       |       |       |       |       |       |
| 12.12_17 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,019 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,019 |       |       |       |       |       |
| 13.12_18 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,009 | 0,0   | 0,009 | 0,009 | 0,009 |       |       |       |       |
| 14.12_19 | 0,029 | 0,029 | 0,029 | 0,029 | 0,029 | 0,029 | 0,029 | 0,029 | 0,019 | 0,029 | 0,029 | 0,029 | 0,019 |       |       |       |
| 15.12_22 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,009 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,009 | 0,029 |       |       |
| 16.12_23 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,038 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,019 | 0,029 | 0,019 | 0,038 | 0,019 | 0,029 | 0,048 | 0,039 |       |
| 17.12_24 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,019 | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,0   | 0,009 | 0,0   | 0,019 | 0,0   | 0,009 | 0,029 | 0,019 | 0,019 |

## APÊNDICE AQ – TABELA 35

**TABELA 35** – Valores de distância (K2p) entre as cópias do MITEs da subfamília 1 encontrada em *D. sechellia* comparados com a sequência consenso reconstruída.

|          | Cons_msec1 |
|----------|------------|
| msec1_1  | 0,000      |
| msec1_2  | 0,000      |
| msec1_3  | 0,000      |
| msec1_4  | 0,000      |
| msec1_5  | 0,000      |
| msec1_6  | 0,000      |
| msec1_7  | 0,000      |
| msec1_8  | 0,000      |
| msec1_9  | 0,000      |
| msec1_10 | 0,000      |
| msec1_11 | 0,013      |
| msec1_12 | 0,000      |
| msec1_13 | 0,000      |
| msec1_14 | 0,000      |
| msec1_15 | 0,000      |
| msec1_16 | 0,013      |
| msec1_17 | 0,000      |
| msec1_18 | 0,000      |
| msec1_19 | 0,000      |
| msec1_20 | 0,000      |
| msec1_21 | 0,000      |
| msec1_22 | 0,000      |
| msec1_23 | 0,000      |
| msec1_24 | 0,000      |
| msec1_25 | 0,013      |
| msec1_26 | 0,000      |
| msec1_27 | 0,000      |

## APÊNDICE AR – TABELA 36

**TABELA 36** – Valores de distância (K2p) entre as cópias do MITEs da subfamília 2 encontrada em *D. sechellia* comparados com a sequência consenso reconstruída.

|          | Cons_msec2 |
|----------|------------|
| msec2_1  | 0,000      |
| msec2_2  | 0,000      |
| msec2_3  | 0,000      |
| msec2_4  | 0,013      |
| msec2_5  | 0,000      |
| msec2_6  | 0,000      |
| msec2_7  | 0,000      |
| msec2_8  | 0,000      |
| msec2_9  | 0,000      |
| msec2_10 | 0,000      |
| msec2_11 | 0,000      |
| msec2_12 | 0,000      |
| msec2_13 | 0,000      |
| msec2_14 | 0,000      |
| msec2_15 | 0,000      |
| msec2_16 | 0,000      |
| msec2_17 | 0,000      |
| msec2_18 | 0,000      |
| msec2_19 | 0,000      |
| msec2_20 | 0,013      |
| msec2_21 | 0,000      |
| msec2_22 | 0,000      |