

## Os ERVs Compartilhados Suportam Ancestralidade Comum?

---

Por **Jonathan M.** (*adaptação*)

Em meu [artigo anterior](#), discuti o contexto de um dos argumentos mais comumente usados ??para ancestralidade comum de primatas. Neste artigo, quero examinar a primeira das três camadas de evidência oferecidas por um [artigo de nível popular](#) escrito sobre esse assunto.

O autor do artigo em discussão nos diz:

Quando examinamos o genoma coletivo do *Homo sapiens*, descobrimos que uma parte dele consiste de ERVs (IHGS Consortium, 2001). Também descobrimos que os humanos compartilham a maioria deles com chimpanzés, assim como os outros membros de Hominidae (grandes símios), os membros de Hylobatidae (gibões), e até mesmo os membros de Cercopithecidae (símios do velho mundo) (Kurdyukov et al., 2001; Lebedev et al., 2000; Medstrand e Mager, 1998; Anderssen et al., 1997; Steinhuber et al., 1995). Uma vez que os seres humanos não podem e/ou não podem procriar regularmente e ter descendentes férteis com membros dessas espécies e, portanto, não fazem contribuições consideráveis ??para seus reservatórios genéticos, e vice-versa, sua herança não pode ser resultado de uniões de espécies modernas. Como mencionado anteriormente, a integração paralela é descartada pela **seleção de alvos altamente aleatória** da integrase. E mesmo que fosse mais específico do que o observado, **exigiria tantas inserções e endogenizações simultâneas que o modelo evolucionário ainda seria tremendamente mais parcimonioso**. Isso deixa apenas um caminho pelo qual uma ERV poderia ter sido herdada: através da reprodução sexual de organismos de uma espécie que **mais tarde divergiram para a qual os organismos que compartilham a ERV pertencem**, ou seja, uma espécie ancestral - simplesmente: humanos e outros primatas devem compartilhar ascendência comum.

Quão específicas são as integrações do ERV? Na parte do artigo intitulada “respostas criacionistas comuns”, nos é dito que:

... Enquanto a inserção proviral não é puramente aleatória, também não é específica de *locus*; devido à forma como ataca diretamente as ligações fosfodiéster 5' e 3', sem necessidade de ligadura (Skinner et al., 2001). Assim, em relação à aleatoriedade pura, a inserção é não aleatória, mas em relação à especificidade do *locus*, a inserção é altamente aleatória.

*Mesmo?*

Vamos tirar alguns momentos para fazer o que qualquer bom estudante de biologia faria - e examinar brevemente parte da literatura. Em um estudo relevante, [Barbulescu et al. \(2001\)](#) relatam que:

Identificamos um provírus de retrovírus endógeno humano K (HERV-K) que está presente na posição ortóloga nos genomas dos gorilas e chimpanzés, mas não no genoma humano. **Os humanos contêm um local de pré-integração intacto neste local.** [ênfase adicionada]

Parece que a explicação mais plausível para isso é uma **inserção independente** nas linhagens de gorilas e chimpanzés. Observe que o local de pré-integração intacto no *locus* pertinente em humanos **exclui a possibilidade** de o provírus HERV-K ter sido inserido no genoma do ancestral comum de humanos, chimpanzés e gorilas, e **subsequentemente perdido** do genoma humano por processos de recombinação genética. Embora existam outras hipóteses possíveis para esta observação (como a ordenação de linhagem incompleta), no contexto de outras indicações de preferência de local específico de *locus*, esses dados **são, no mínimo, sugestivos de que essas inserções podem de fato ser eventos independentes.**

Mas tem mais.

Outro estudo, de [Sverdlov \(1998\)](#) relata que:

Mas embora esse conceito de seletividade de retrovírus esteja prevalecendo atualmente, praticamente todas as regiões genômicas foram relatadas como usadas como alvos

primários de integração, porém com preferências diferentes. Foram identificados "pontos quentes" contendo sites de integração usados ??até **280 vezes mais do que o previsto matematicamente** . [ênfase adicionada]

Além disso, [Yohn et al. \(2005\)](#) relatam que:

Transmissões horizontais entre espécies têm sido propostas, mas existem poucas evidências para tais eventos na linhagem humana/símia da evolução. Com base na análise da sequência do genoma do chimpanzé BAC acabado, caracterizamos um elemento retroviral (Pantroglodytes endogenous retrovirus 1 [PTERV1]) que se integrou na linhagem germinativa de grandes símios africanos e símios do Velho Mundo, mas está ausente dos humanos e dos genomas de primatas asiáticos.

Eu poderia continuar na mesma linha por algum tempo. Outras classes de retroelementos também mostram preferências de **sites-alvo bastante específicas**. Por exemplo, [Levy et al. \(2009\)](#) relatam que os retroelementos *Alu* rotineiramente se inserem preferencialmente em certas classes de elementos transponíveis já presentes, e o fazem com uma orientação específica e em localizações específicas dentro da sequência de elementos móveis. Além disso, um estudo publicado na *Science* por [Li et al. \(2009\)](#) descobriram que, no genoma da pulgas-de-água os introns rotineiramente se inserem nos mesmos *locus*, levando o biólogo evolucionista, aclamado internacionalmente, [Michael Lynch a notar](#):

Notavelmente, encontramos muitos casos de ganhos de intrão paralelos em essencialmente os mesmos locais em genótipos independentes. Isso **argumenta fortemente contra a suposição** comum de que quando duas espécies compartilham introns no mesmo local, é sempre devido à herança de um ancestral comum.

Finalmente, [Daniels e Deininger \(1985\)](#) sugerem que:

... Existe um mecanismo comum para a inserção de muitas famílias de DNA repetitivo em novos locais genômicos. É proporcionado um mecanismo modificado para integração específica de local de sequências de ADN repetitivas de primatas que requer inserção em sequências ricas em dA no genoma. Este modelo é consistente com a relação observada entre as subfamílias galago Tipo II, sugerindo que elas surgiram não por mera mutação, mas por **eventos independentes de integração**.

Essas preferências do site de destino também são documentadas [aqui](#) , [aqui](#) e [aqui](#).

*Por que essas preferências de site do ERV existem? Presumivelmente, porque esses locais são mais propícios à sua reprodução bem-sucedida (por exemplo, a necessidade de expressão dos elementos reguladores do ERV, a atividade do sistema de correção do DNA do hospedeiro, etc.). [Mitchell et al. \(2004\)](#) sugerem que “a ligação específica de vírus dos complexos de integração às características da cromatina provavelmente guia a seleção do local”.*

Dentre dezenas de milhares de elementos do ERV no genoma humano, aproximadamente quantos são conhecidos por ocupar os mesmos locais em humanos e chimpanzés? De acordo com [este artigo da Talk-Origins](#) pelo menos sete. Vamos chamá-lo de **menos de uma dúzia**. Dado o grande número desses retrovírus em nosso genoma (literalmente **dezenas de milhares**), e respondendo pela evidência de preferências de integração e vieses de site que eu documentei acima, quais são as chances de encontrar um punhado de elementos de ERV que se inseriram independentemente no mesmo *locus*?

### **Uma hierarquia aninhada?**

E quanto a essa "hierarquia aninhada" da qual nos dizem?

Somos (incorretamente) [informados de](#) que “*existe apenas um desvio solitário conhecido da hierarquia distribuída aninhada; um ERV relativamente recentemente endogenizado/fixado chamado HERV-K-GC1*”. Essa alegação, entretanto, é *falsa*. Além do caso mencionado, [Yohnet al. \(2005\)](#) relata:

Realizamos duas análises para determinar se esses 12 intervalos compartilhados podem, de fato, ser ortólogos. Primeiro, examinamos a distribuição de locais compartilhados entre espécies (Tabela S3). Descobrimos que a distribuição é inconsistente com a filogenia

geralmente aceita dos primatas catarrinos. Isto é particularmente relevante para a linhagem humana/grandes símios. Por exemplo, apenas um intervalo é compartilhado por gorila e chimpanzé; no entanto, dois intervalos são compartilhados por gorila e babuíno; enquanto três intervalos aparentemente são compartilhados por macacos e chimpanzés. Nossa análise de Southern mostra que humanos e orangotangos carecem completamente da sequência PTERV1 (veja a Figura 2A). Se esses locais fossem verdadeiramente ortólogos e, portanto, ancestrais no ancestral humano/símios, seria necessário que pelo menos seis desses locais fossem excluídos na linhagem humana. Além disso, os mesmos seis locais exatos também teriam que ser deletados na linhagem do orangotango se a filogenia geralmente aceita estiver correta. Tal série de eventos de deleção independentes nos mesmos locais precisos do genoma é improvável.

[...]

Várias linhas de evidência indicam que cópias de chimpanzés e gorilas PTERV1 surgiram de uma fonte exógena. Primeiro, não há virtualmente nenhuma sobreposição (menos de 4%) entre a localização das inserções entre chimpanzés, gorilas, macacos e babuínos, tornando improvável que cópias endógenas existissem em um ancestral comum e posteriormente fossem excluídas na linhagem humana e na linhagem de orangotangos. Segundo, a árvore filogenética PTERV1 é inconsistente com a árvore de espécies geralmente aceitas para os primatas, sugerindo uma transmissão horizontal em oposição a uma transmissão vertical de um ancestral comum de símios. Uma explicação alternativa pode ser que a filogenia dos primatas é grosseiramente incorreta, como foi proposto por uma minoria de antropólogos.

Por mais irritante que possa parecer para o modelo evolucionário, há, de fato, um número significativo de desvios da filogenia ortodoxa.

Na parte final desta série de blogs, discutirei o argumento baseado em “erros compartilhados” nesses elementos de ERV, bem como o argumento baseado em graus de divergência entre as repetições terminais retrovirais de 5' e 3' de comprimento (LTRs).

---

Original: **Jonathan M.** [Do Shared ERVs Support Common Ancestry?](#) May 26, 2011.