

Mais Pontos Sobre os ERVs

Por **Jonathan M.** (*adaptação*)

Nos meus dois artigos anteriores ([aqui](#) e [aqui](#)), explorei algumas das informações básicas relativas à integração de elementos retrovirais em genomas de primatas e os vários argumentos para ancestralidade comum que são baseados neles. Eu explorei, com algum detalhe, a evidência de ancestralidade comum baseada na localização compartilhada de sequências retrovirais. Neste artigo final, discutirei os dois pontos remanescentes que são levantados no [artigo de nível popular](#) que venho examinando.

Mutações Compartilhadas?

Com relação aos “erros” compartilhados entre genomas de primatas, esse argumento novamente assume que as mutações são aleatórias e é improvável que ocorram de forma convergente. [Cuevas et al. \(2002\)](#), no entanto, documentaram, em retrovírus, a ocorrência de convergências moleculares em 12 sítios variáveis ??em linhagens independentes. Algumas dessas mutações convergentes ocorreram em regiões intergênicas (mudanças em que normalmente se pensa serem seletivamente neutras) e também em sítios sinônimos. Os autores também observam que esta observação é bastante difundida entre clones de vírus HIV-1 em humanos e em cepas de SHIV isoladas de símios, macacos e humanos.

Como os autores observam:

Uma das características mais surpreendentes ilustradas na Figura 1 é a grande quantidade de convergências evolutivas observadas entre linhagens independentes. Doze dos locais variáveis ??foram compartilhados por diferentes linhagens. Mais surpreendentemente, convergências também ocorreram dentro de sítios e regiões intergênicas. Convergências evolutivas durante a adaptação de linhagens virais sob condições ambientais artificiais idênticas foram descritas anteriormente (Bull et al. 1997; Wichman et al. 1999; Fares et al. 2001). No entanto, esse fenômeno é observado não apenas no laboratório. É também uma observação relativamente difundida entre os clones do vírus da imunodeficiência humana (HIV)-1 isolados de pacientes tratados com diferentes drogas antivirais; mudanças paralelas são frequentes, muitas vezes seguindo uma mesma ordem de ocorrência (Larder et al. 1991; Boucher et al. 1992; Kellam et al. 1994; Condra et al. 1996; Martinez-Picado et al. 2000). Substituições subsequentes podem conferir níveis crescentes de resistência a drogas ou, alternativamente, podem compensar efeitos deletérios pleiotrópicos de

mutações anteriores (Molla et al. 1996; Martinez-Picado et al. 1999; Nijhuis et al. 1999). Além disso, foram observadas convergências moleculares entre os vírus de imunodeficiência símia-humana quimérica (cepa SHIV-vpu +) isolados de macacas nemestrinas, macacos rhesus e humanos após infecções crônicas ou rápida passagem do vírus (Hofmann-Lehmann et al. 2002).

Eu poderia citar vários outros estudos semelhantes. Para outro exemplo de caso, ver Bull et al. (1997).

LTRs e Filogenia

O outro argumento oferecido pelo [artigo](#) refere-se às filogenias de primatas em relação às sequências de repetição terminal longa (LTR). Como as LTRs são idênticas no momento da integração, argumenta-se que, se as sequências 5' e 3' LTR forem muito diferentes em relação uma à outra, isso deve corresponder a uma inserção mais antiga. O problema é que o padrão não é nada tão limpo e arrumado como muitos darwinistas gostariam que pensássemos.

Uma das principais dificuldades associadas à tentativa de construir filogenias com base na divergência entre as LTR 5' e 3' é que se baseia na suposição crítica de que as sequências de LTR 5' e 3' estão adquirindo mutações independentemente umas das outras. No entanto, o fenômeno da conversão do gene de LTR cruzada pode resultar em um grau muito menor de divergência, tornando, assim, esse método para inferir o tempo desde que a integração é suspeita.

Os autores observam:

Descobrimos que a conversão gênica desempenha um papel significativo na evolução molecular de LTRs em primatas e roedores, mas a extensão é bem diferente. Em roedores, a maioria dos LTRs está sujeita a extensiva conversão gênica que reduz a divergência, de modo que o método baseado em divergência resulta em uma séria subestimação do tempo de inserção. Em primatas, esse efeito é limitado a uma pequena proporção de LTRs. A explicação mais provável da diferença envolve o comprimento mínimo da sequência de interação (segmento de processamento eficiente mínimo [SPEM]) para a conversão do gene de *interloco*. Uma estimativa empírica de SPEM em humanos é de 300-500 pb, o que excede o comprimento da maioria das LTRs analisadas. Em contraste, o SPEM para ratos deve ser muito menor. Assim, SPEM pode ser um fator importante para determinar a suscetibilidade de LTRs à conversão gênica. **Conclui-se que o método da divergência para estimar o tempo de inserção deve ser aplicado com**

especial cautela, pois pelo menos alguns LTRs sofrem conversão gênica. [ênfase adicionada]

Resumo

Para resumir, observamos nos últimos três posts que o caso da ancestralidade comum de primatas não é tão forte e cortante quanto muitos biólogos evolucionistas gostariam que fosse. Enquanto se pode encontrar um punhado de ERVs que ocupam o mesmo *loci*, uma inspeção adicional revela que eles são frequentemente eventos independentes.

Na ausência de um mecanismo naturalista viável para explicar *como* evolução a partir de um ancestral comum poderia ter ocorrido, como podemos ter tanta certeza de que ele *tinha* que ocorrer? Nesse caso, deve-se razoavelmente esperar que haja alguma evidência espetacular de ancestralidade comum. Infelizmente para os darwinistas, no entanto, as evidências de ancestralidade comum são de contar nos dedos.

Original: **Jonathan M.** [Mais pontos sobre os ERVs](#). 28 de maio de 2011.