



**REENCONTROS
NOVOS ESPAÇOS
OPORTUNIDADES**

XXXIV SIC Salão Iniciação Científica

**26 - 30
SETEMBRO
CAMPUS CENTRO**

Evento	Salão UFRGS 2022: SIC - XXXIV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2022
Local	Campus Centro - UFRGS
Título	Análises in silico da diversidade de transposons em genomas de Orthoptera
Autor	ESTHER FERRAZZA CAVINATTO DE OLIVEIRA
Orientador	MARÍNDIA DEPRÁ

Elementos de transposição (TEs) são sequências de DNA com a capacidade de se mover e multiplicar pelo genoma. Desde sua descoberta, eles têm se mostrado grandes ferramentas evolutivas, causando desde alterações fenotípicas até quebras cromossômicas como o clássico exemplo do milho demonstrado por Barbara McClintock. A ordem Orthoptera, composta por grilos, gafanhotos e esperanças, apresenta espécies com genomas grandes e com alta quantidade de regiões repetitivas. O genoma de *Locusta migratoria* está entre os maiores já observados em insetos, sendo assim, um excelente modelo para a análise da proliferação de TEs, sugerida como uma das possíveis causas da expansão do tamanho dos genomas. Assim, o objetivo desse trabalho é analisar a presença de elementos nos genomas sequenciados de Orthoptera, buscando verificar a relação entre a quantidade dessas sequências e o tamanho do genoma. Inicialmente foi realizado um levantamento dos dados disponíveis sobre a presença de TEs em genomas de Orthoptera. Após essa etapa, as sequências de TEs selecionadas foram obtidas no banco de dados do NCBI e foram realizadas pesquisas por BLAST (Basic Local Alignment Search Tool), primeiramente no genoma de *L. migratoria* na plataforma Galaxy Europe. Diferentemente do que é observado para muitas espécies, os transposons de DNA representam uma grande fração nos genomas de Orthoptera. Uma grande variedade de linhagens de elementos *mariner* também foi detectada. Utilizando a sequência do elemento *mariner* canônico Mos1 (acesso no genbank: X78906.1) como semente de busca, foram detectadas 35 sequências. Buscas utilizando outros elementos como os da superfamília hAT (mar, but) não retornaram sequências similares ao menos no genoma de *L. migratoria*. Nas próximas etapas do trabalho, as sequências obtidas até então serão analisadas quanto à conservação de sua estrutura e possível capacidade codificadora. Buscas adicionais serão realizadas nos outros genomas de Orthoptera disponibilizados recentemente nos bancos de dados.