



XXXV SALÃO de INICIAÇÃO CIENTÍFICA

6 a 10 de novembro

Evento	Salão UFRGS 2023: SIC - XXXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2023
Local	Campus Centro - UFRGS
Título	Análise in silico de transposons da superfamília hAT 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. Assim, o objetivo desse trabalho foi analisar a presença de TEs nos genomas sequenciados de Orthoptera, buscando verificar a existência e função desempenhada por eles, especialmente os da superfamília hAT - uma família amplamente distribuída. Inicialmente foi realizado um levantamento dos dados disponíveis sobre a presença de TEs em genomas de Orthoptera. De acordo com o levantamento, sequências de TEs foram selecionadas e obtidas no banco de dados do NCBI. Ao todo foram 47 sequências usadas como semente de busca por BLAST na plataforma Galaxy Europe em 15 genomas de Orthoptera, disponíveis no NCBI até então. O elemento *AeBuster2*, da Superfamília hAT, foi o único que retornou sequências de boa qualidade em questão de cobertura, identidade e E-value, e apenas no genoma da espécie *Meconema thalassinum*. As sequências desses possíveis TEs foram analisadas quanto à conservação de sua estrutura e possível capacidade codificadora. A partir dessas sequências, foi gerada uma sequência consenso, em que se localiza as Terminal Inverted Repeats (TIRs) com 16pb: CAGCGGTTCCCAAAT e um sítio altamente conservado nas Target Site Duplications (TSDs): NNNTANNN. Usando a ferramenta CD-search do NCBI, foi encontrado o domínio de proteína DUF4371 na sequência consenso. Futuramente, a consenso dos possíveis TEs será usada como semente de busca nos 15 genomas de Orthoptera, verificando a existência de cópias ativas e degeneradas, e por fim, será realizada uma análise evolutiva dos resultados.