



**REENCONTROS  
NOVOS ESPAÇOS  
OPORTUNIDADES**

**XXXIV SIC** Salão Iniciação Científica

**26 - 30  
SETEMBRO  
CAMPUS CENTRO**

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