

SUBMISSÃO / RESUMO-EDITAIS (PROPEGI/PROEC/PROGRAD) -
TRABALHOS LOCAIS - PESQUISA

**LOCALIZAÇÃO CROMOSSÔMICA DE GENES DE PEPTÍDEOS
ANTIMICROBIANOS EM ESPÉCIES DE INSETOS**

Tarcio Tomé Da Silva (tarcio.tomesilva@upe.br_old)

João Pacífico Bezerra Neto (pacifico.joao@upe.br)

Rita De Cássia Moura (rita.moura@upe.br)

Nos insetos, os peptídeos antimicrobianos (AMPs) compõem o sistema imune inato, atuando na defesa contra patógenos. Apesar do significativo número de pesquisas sobre suas funções biológicas, são poucos os trabalhos sobre a distribuição cromossômica dos genes que os codificam. O estudo objetivou identificar e descrever a localização cromossômica de genes de AMPs em *Apis mellifera* (Ame), *A. tragopoginis* (Atr) e *Drosophila melanogaster* (Dme), destacando sua distribuição e os padrões de organização. Para a busca por homólogos via BLASTp, foram utilizadas 41.462 sequências peptídicas de 11 famílias de AMPs contra os proteomas de Ame, Atr e Dme, obtidos no InsectBase. Foram removidos os alinhamentos redundantes e com e-value >1e-05, as sequências das candidatas obtidas via TBtolls-II e a confirmação da família de cada potencial AMP no CDsearch. Os dados de coordenadas

genômicas foram obtidos dos arquivos GFF3 de cada espécie analisada. Os idiogramas circulares foram montados no TBtools-II. Um total de 34 AMPs foi identificado. Em Dme a descrição foi feita em cromossomos politênicos, estando os genes de CAPs dispersos nos braços cromossômicos 2L (um) e 3L (dois), enquanto no 2R (seis), 3R (cinco) e X (quatro) observou-se que alguns AMPs estão fisicamente agrupados. Das três atacinas observadas no 2R, duas agruparam-se, e aquela localizada no 3R ficou isolada. As cecropinas agruparam-se no 3R e a defensina estava presente no 2R. Em Ame, todos os genes demonstraram dispersão em diferentes cromossomos. O gene de abaecina foi posicionado no cromossomo 10, os de CAPs no 1, 3 e 8; e os de defensinas no 6 e 16. Em Atr, os cromossomos onde se observou a presença do gene de atacina e o de CAPs foram o 23 e o Z, respectivamente. O padrão de organização disperso em Ame e Atr é compatível com diversificação via duplicações e neofuncionalizações. Já o agrupado, visto em Dme, sugere duplicação em tandem e regulação coordenada para respostas imunes rápidas e eficientes.

Palavras-chave: amp; cromossomo; dispersão gênica.