

RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR
VETORES

**CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE NOVA LINHAGEM EMBRIONÁRIA DE
RHODINUS PROLIXUS (RPE/UFRRJCM1)**

Ana Clara Rodrigues Felix Da Silva (anaclararf2001@gmail.com)

Ellen Meireles Brandão (ellenmeirelesvetcat@gmail.com)

Marcella Silva Casimiro (marcellacasimiro@ufrj.br)

Marcella Dantas Carneiro M Da S Barreto (marcelladantas@ufrj.br)

João Gabriel Ferreira Cabral (jgabriel.f.cabral@gmail.com)

Jônathan David Ribas Chagas (jonathanchagas@ufrj.br)

Matheus Dias Cordeiro (mathcordeiro@hotmail.com)

Denise Monnerat Nogueira (denisemn@ufrj.br)

Claudia Bezerra Da Silva (claudia_ufrj@yahoo.com.br)

Bruna De Azevedo Baêta (babaeta@ufrj.br)

Rhodnius prolixus é uma espécie de triatomíneo hematófago da família Reduviidae, considerado um dos principais vetores de Trypanosoma cruzi, agente etiológico da Doença de Chagas, e por isso possui grande relevância

em saúde pública. Nesse contexto, a caracterização de linhagens celulares desses insetos é essencial para estudos sobre biologia do vetor e interação com patógenos. Este trabalho teve o objetivo de integrar análises de cariotipagem e biologia molecular para caracterizar células provenientes de linhagem celular recém estabelecida de *R. prolixus* (RPE/UFRRJCM1) oriunda do Brasil. Para a análise citogenética, células derivadas de ovos foram submetidas a tratamento com colchicina, tripsinização, solução hipotônica e fixação, seguidos de coloração com Giemsa e observação em microscopia óptica. A caracterização molecular foi realizada por meio da extração de DNA genômico e amplificação por PCR convencional de marcadores como o gene mitocondrial COI e o gene ITS, com posterior comparação das sequências em bancos de dados genéticos. A cariotipagem revelou a presença de 22 cromossomos holocêntricos ($2n = 20$ autossomos + par sexual), padrão típico de triatomíneos. No entanto, não foi possível observar o pareamento de cromossomos homólogos nem identificar claramente os cromossomos sexuais, possivelmente em função da natureza holocêntrica desses cromossomos. A análise molecular confirmou a identidade da espécie, apresentando alta similaridade com sequências de *R. prolixus* depositadas em bancos genéticos. A confirmação molecular da origem da espécie foi realizada por meio da amplificação e sequenciamento de genes, com comparação no banco de dados GenBank, onde a sequência parcial do gene COI apresentou 89,75% de identidade com *R. prolixus*, com cobertura total da consulta, enquanto o gene ITS apresentou até 99,57% de identidade com sequências da mesma espécie. As sequências obtidas foram depositadas no GenBank, reforçando a confiabilidade da identificação molecular e contribuindo para o avanço dos estudos envolvendo essa espécie de importância epidemiológica.

Palavras-chave: triatomíneos; biologia molecular; cariotipagem; cultivo celular.