

129

**IDENTIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE 37 NOVOS ELEMENTOS DE TRANSPOSIÇÃO DA SUPERFAMÍLIA hAT EM GENOMAS DE DROSOPHILA.** Mauro de Freitas Ortiz, Elgion Lucio da Silva Loreto (orient.) (UFSM).

O sequenciamento de diversos genomas tem possibilitado o aumento nos estudos de elementos de transposição (TEs). Sendo a superfamília hAT de TEs identificada nos mais diversos grupos de eucariotos sendo inicialmente descrita para o gênero *Drosophila*. O objetivo deste trabalho foi identificar novos elementos da superfamília hAT em genomas de *Drosophila*. Para tal objetivo foram usados os seguintes TEs como sondas: hobo, Homer, Hermes, Hopper, Hector, PegasusA, hAT-1\_DP, hAT2-AG e hAT1\_AG contra os seguintes genomas: *D. ananassae*, *D. pseudoobscura*, *D. persimilis*, *D. willistoni*, *D. mojavensis*, *D. virilis*, *D. grimshawi*, *D. simulans*, *D. yakuba*, *D. sechellia*, *D. melanogaster* e *D. erecta*. Utilizou-se as ferramentas BLAT e FlyBase BLAST Service. Para análise dos sítios alvos duplicados (TSDs) usou-se a ferramenta WebLogo. Para a identificação de domínios conservados foi usado o ferramenta Blockmaker. Foram identificadas e caracterizados um total de 37 novos elementos da superfamília hAT em um total de 78 cópias. As terminação invertidas repetidas (TIRs) destes novos elementos variam de 10 a 24 bp. Sendo que 24 apresentam TSDs de 8 bp típicos da superfamília hAT. Estes novos elementos foram divididos em quatro famílias: homo, herves, hobo e hopso de acordo com a filogenia. Foram feitos logos com as TIRs de três famílias: família homo (TAGAGCTGGGAA), família herves (TAGTGTTGGGT), família hobo (CAGAGAACTGCA), não foram encontradas TIRs na família hopso. Na análise das ORFs verificou-se a presença de blocos de aminoácidos conservados. Assim, este trabalho proporciona novos elementos para mais estudos desta amplamente distribuída superfamília de TEs no gênero *Drosophila*.