

Sequências repetitivas e os rearranjos cromossômicos em insetos

Dra. Vilma Loreto

Abstract/Resumo

As sequências repetitivas de DNA são caracterizadas por constituírem uma parcela significativa do genoma dos eucariotos. Entre essas sequências se destacam o DNA satélite, os elementos de transposição (TEs), as famílias multigênicas representadas pelos DNAr, DNAt e histonas, além de várias outras porções não codificadoras do genoma como o DNA centromérico e o DNA telomérico. Por sua vez, os rearranjos cromossômicos podem ser classificados em numéricos e estruturais e em insetos destacam-se a ocorrência de cromossomos B, como o principal exemplo de variação numérica, e as inversões, translocações, fusões, fissões e ampliações de heterocromatina constitutiva como as principais variações estruturais que também podem repercutir em variações de números cromossômicos. Embora, alguns táxons em insetos mostrem-se aparentemente conservados numa visão macrocariotípica, vários desses rearranjos ou microrearranjos tem contribuído para as diferenciações cromossômicas no grupo. O objetivo desta apresentação é correlacionar o papel das sequências repetitivas e os principais rearranjos cariotípicos em insetos. Observando exemplos da literatura em insetos das ordens Coleoptera e Heteroptera, por exemplo, serão discutidos como as sequências repetitivas tem um papel importante em rearranjos cromossômicos nesses grupos. Além disso, considerando os primeiros trabalhos na ordem Orthoptera que destacam a importância do estudo e análise do satelitoma poderemos ver como estas descobertas tem apontado caminhos para a grande contribuição das sequências repetitivas na evolução dos genomas de insetos.



Quinta Reunião Brasileira de Citogenética e Citogenômica
5th Brazilian Meeting of Cytogenetics and Cyto-genomics

Keyword/Palavras-chave: Rearranjos cromossômicos; Diferenciações cromossômicas; Sequências repetitivas; Evolução dos genomas

Departamento de Genética, Centro de Ciências Biológicas, UFPE, - vloreto@bol.com.br