

RESUMO

TRINCA, V. **Estudos genômicos em *Pseudolycoriella hygida* (Sciaridae)**. 2023. 190f. Tese (Doutorado). Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto – Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, 2023.

A ordem Diptera, que inclui as moscas verdadeiras, pode ser subdividida entre dípteros basais e superiores. Os dípteros basais incluem as infraordens Tipulomorpha, Culicomorpha, Psychodomorpha e Bibionomorpha, enquanto os superiores pertencem à subordem Brachycera. O número de genomas disponíveis para Diptera é desigual, com foco nos dípteros superiores que apresentam 76% das montagens de genoma. Estudos com espécies da família Sciaridae (Bibionomorpha) contribuíram para o entendimento tanto de processos de ocorrência geral em metazoários, como aqueles característicos de sciarídeos, notadamente a amplificação gênica em regiões formadoras de pufes de DNA e o mecanismo de determinação sexual. O nosso laboratório utiliza a espécie *Pseudolycoriella hygida* (Bibionomorpha: Sciaridae) como modelo de estudo. Essa tese é dividida em três capítulos. O primeiro capítulo apresenta a montagem e anotação de três mitogenomas de sciarídeos e destaca que o mitogenoma de *P. hygida* (37 kb) é o maior descrito na ordem Diptera até o momento. Rearranjos gênicos característicos das subfamílias dos sciarídeos foram encontrados e análises filogenéticas revelaram a posição de *P. hygida* na família Sciaridae. O segundo capítulo descreve o genoma nuclear de *P. hygida*. A montagem do genoma de *P. hygida* compreende 609 Mb divididos em 6.452 scaffolds e é apresentada em nível cromossômico com cerca de 90% do genoma distribuído entre os 4 maiores scaffolds, que correspondem aos cromossomos A, B, C e X. Foram preditos 17.881 genes codificadores de proteínas, dos quais 92,9% foram funcionalmente anotados. Análises bioinformáticas e bioquímicas mostraram que a saliva contém enzimas ativas contra carboidratos (CAZymes). Análises comparativas com outros sciarídeos e contra *Lucilia cuprina* (Diptera: Calliphoridae) indicam que os sciarídeos não apresentam diferenças importantes entre as CAZymes anotadas, independente dos hábitos alimentares. Contudo, a comparação das CAZymes de sciarídeos contra *L. cuprina*, mostrou conjuntos de CAZymes codificadas exclusivamente nos genomas dos sciarídeos, capazes de degradar carboidratos presentes nas paredes células de plantas e fungos. No terceiro capítulo, apresentamos a caracterização de bibliotecas de RNAseq das glândulas salivares de larvas de início do quarto estágio larval e de diferentes idades durante o período de formação dos pufes de DNA. A análise revelou que 10.769 genes são expressos nesse tecido e que 1.687 genes são diferencialmente expressos entre as idades analisadas. Destaca-se a associação com categorias como tradução, proteólise e transporte através da membrana plasmática, enfatizando papel secretor das células das glândulas salivares. O estudo também investigou o perfil de expressão gênica durante a abertura dos pufes de DNA, o que possibilitou a identificação genes que constituem candidatos a residir em regiões formadoras de pufes de DNA. Em síntese, essa tese contribui para a área de genômica de Diptera, expande o conhecimento acerca do modelo não convencional *P. hygida* e oferece novas perspectivas acerca da biologia de sciarídeos.

Palavras-chave: genoma nuclear, análises filogenéticas, análise de transcriptoma, expressão gênica regulada no desenvolvimento, secreção da glândula salivar, comportamentos alimentares de sciarídeos.