



UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO
DEPARTAMENTO DE BIOLOGIA
CURSO DE BACHARELADO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

PIERRE ANTONIO DA SILVA DINIZ

**ANÁLISE GENÔMICA DA FAMÍLIA UDP-GLICOSILTRANSFERASE
NO VETOR *Aedes albopictus***

RECIFE
2025

PIERRE ANTONIO DA SILVA DINIZ

Análise genômica da família UDP-glicosiltransferase no vetor
Aedes albopictus

Trabalho de Conclusão de Curso
apresentado ao Curso Bacharelado em
Ciências Biológicas da Universidade
Federal Rural de Pernambuco, como
requisito parcial para obtenção do título de
Bacharel em Ciências Biológicas.

Orientador (a): Dra. Fernanda Cristina
Bezerra Leite

Coorientador (a): Dra. Iêda Ferreira de
Oliveira

RECIFE

2025

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Sistema Integrado de Bibliotecas da UFRPE
Biblioteca Central, Recife-PE, Brasil

D585a Diniz, Pierre Antonio da
 Análise genômica da família UDP-glicosiltransferase no vetor
Aedes albopictus / Pierre Antonio da Silva Diniz. – 2025.
 65 f. : il.

 Orientador(a): Fernanda Cristina Bezerra Leite
 Coorientador (a): Iêda Ferreira de Oliveira.
 Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação) - Universidade
Federal Rural de Pernambuco, Departamento de Biologia, Recife,
BR-PE, 2025.
 Inclui referências.

 1. Arboviroses 2. Mosquitos - Resistência aos inseticidas
3. Inseticidas 4. Glicosiltransferase I. Leite, Fernanda Cristina
Bezerra, orient. II. Oliveira, Iêda Ferreira de, coorient. III. Título

CDD 574

PIERRE ANTONIO DA SILVA DINIZ

**Análise genômica da família UDP-glicosiltransferase no vetor
*Aedes albopictus***

Trabalho de Conclusão de Curso
apresentado ao Curso Bacharelado em
Ciências Biológicas da Universidade
Federal Rural de Pernambuco, como
requisito parcial para obtenção do título de
Bacharel em Ciências Biológicas.

Aprovado em: 07/08/2025

BANCA EXAMINADORA

Profa. Dra. Fernanda Cristina Bezerra Leite (Orientadora)
Universidade Federal Rural de Pernambuco

Profa. Dra. Nara Suzy Aguiar de Freitas (Examinador Interno)
Universidade Federal Rural de Pernambuco

MSc. Maria Clara Breda Dias (Examinador Externo)
Universidade Federal Rural de Pernambuco

Prof. Dr. Felipe Pessoa da Silva (Suplente)
Secretaria de Educação de Pernambuco

AGRADECIMENTOS

Gostaria de agradecer aos meus familiares, orientadoras, Universidade Federal Rural de Pernambuco e todos que estiveram ao meu lado.

RESUMO

Aedes albopictus é um importante vetor de arbovirose no mundo, sendo um vetor da Dengue. Essa arbovirose causa grande impacto econômico e social aos países onde ocorrem. As UDP-glicosiltransferases (UGTs) são proteínas de membrana presentes na maioria dos seres vivos, que estão relacionadas à metabolização de substâncias endógenas e xenobióticas. Elas promovem a glicosilação de uma variedade de pequenas moléculas lipofílicas com açúcares, produzindo glicosídeos solúveis em água. Alguns estudos também apontam sua relação com a resistência metabólica de artrópodes a inseticidas. O objetivo do presente trabalho foi identificar e caracterizar as UGTs presentes no genoma de *Aedes albopictus* por abordagens *in silico*. Para a mineração dos dados, sequências proteicas de UGTs de *Drosophila melanogaster* foram utilizadas como *query*. Após a análise de domínios, foram identificadas 46 sequências candidatas no proteoma de *Aedes albopictus*. Elas variaram de 452 a 1073 aminoácidos de tamanho. Também foram identificados os domínios Glycosyltransferase GTB-type característicos dessas proteínas e seus motivos apresentaram-se conservados, com a presença de assinaturas de aminoácidos características dessa família gênica, como os motivos DBR1, DBR2 e FIT. O peso molecular das UGTs variou de 50,802 KDa a 123,485 KDa, enquanto o ponto isoelétrico foi de 5,7 a 9,7. A membrana plasmática foi a localização subcelular predominante. Foram encontrados trinta e seis prováveis genes no genoma de *Aedes albopictus*, todos localizados nos três cromossomos, sendo classificados em 12 subfamílias. Destas, as mais representativas foram UGT308, UGT301 e UGT302. Dois genes foram localizados no cromossomo um (*Chr1*) e quatro no cromossomo três (*Chr3*). Já o *Chr2* apresentou maior concentração de genes, representando um possível *hotspot* genômico para a família UGT em *Aedes albopictus*. O tamanho dos genes variou de 2 kb a 35 kb, sendo que o número de éxons variou de dois a cinco. Em conjunto, os dados sugerem que a família UGT em *Aedes albopictus* apresenta não apenas ampla distribuição cromossômica e diversidade estrutural, mas também uma organização compatível com padrões evolutivos observados em outros insetos, refletindo sua importância funcional em processos fisiológicos e possivelmente na resistência a xenobióticos e inseticida.

Palavras-chave: Arboviroses, Glicosiltransferase, Inseticida, Mosquito, Resistência.

ABSTRACT

Aedes albopictus is a major arbovirus vector worldwide, including Dengue fever. This arbovirus causes significant economic and social impacts in the countries where it occurs. UDP-glycosyltransferases (UGTs) are membrane proteins present in most living beings and are involved in the metabolism of endogenous and xenobiotic substances. They promote the glycosylation of a variety of small, lipophilic sugar molecules, producing water-soluble glycosides. Some studies also point to their association with the metabolic resistance of arthropods to insecticides. The objective of this work was to identify and characterize the UGTs present in the *Aedes albopictus* proteome using *in silico* approaches. For data mining, protein sequences of *Drosophila melanogaster* UGTs were used as queries. After domain analysis, 46 candidate sequences were identified in the *Aedes albopictus* proteome. They ranged from 452 to 1073 amino acids in size. The characteristic GTB-type glycosyltransferase domains of these proteins were also identified, and their motifs were conserved, with the presence of amino acid signatures characteristic of this gene family, such as the DBR1, DBR2, and FIT motifs. The molecular weight of the UGTs ranged from 50,802 kDa to 123,485 kDa, while the isoelectric point was 5.7 to 9.7. The plasma membrane was the predominant subcellular location. Thirty-six probable genes were found in the *Aedes albopictus* genome, all located on the three chromosomes and classified into 12 subfamilies. Of these, the most representative were UGT308, UGT301, and UGT302. Two genes were located on chromosome one (*Chr1*) and four on chromosome three (*Chr3*). *Chr2* presented the highest concentration of genes, representing a possible genomic hotspot for the UGT family in *Aedes albopictus*. Gene sizes ranged from 2 kb to 35 kb, and the number of exons varied from two to five. Taken together, the data suggest that the UGT family in *Aedes albopictus* presents not only a broad chromosomal distribution and structural diversity, but also an organization consistent with evolutionary patterns observed in other insects, reflecting its functional importance in physiological processes and possibly in xenobiotic and insecticide resistance.

Keywords: Arboviruses, Glycosyltransferase, Insecticide, Mosquito, Resistance..

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	14
2	FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	16
2.1	<i>Aedes albopictus</i> Skuse, 1894	16
2.2	Controle vetorial	21
2.3	Resistência química a inseticidas	26
2.4	UDP-glicosiltransferases	28
3	OBJETIVOS	31
3.1	Objetivo geral	31
3.2	Objetivos específicos	31
4	METODOLOGIA	32
4.1	Identificação e classificação de UDP-glicosiltransferases (UGTs) em <i>Aedes albopictus</i>	32
4.2	Identificação de domínios e motivos	32
4.3	Caracterização das UDP-glicosiltransferases	33
4.4	Localização cromossômica e estrutura gênica	33
5	RESULTADOS E DISCUSSÃO	34
5.1	Identificação e classificação das UDP-glicosiltransferases (UGTs) de <i>Aedes albopictus</i>	34
5.2	Análise de domínios e motivos das UDP-glicosiltransferases (UGTs) de <i>Aedes albopictus</i>	38
5.3	Caracterização das UDP-glicosiltransferases (UGTs) de <i>Aedes albopictus</i>	44
5.4	Localização cromossômica e estrutura gênica das UDP-glicosiltransferases (UGTs) de <i>Aedes albopictus</i>	50
7	CONCLUSÕES	58
	REFERÊNCIAS	59

1 INTRODUÇÃO

Conhecido como “tigre asiático”, o mosquito *Aedes albopictus* Skuse, 1894 (Laporta *et al.*, 2023) é uma espécie de origem asiática e distribuição cosmopolita. É um inseto importante para a saúde pública, visto que é potencial vetor de arboviroses, tais como dengue, febre amarela, chikungunya e zika (Ministério da Saúde, 2022).

Apesar de sua relevância vetorial em outras regiões do mundo, as populações naturais de *Aedes albopictus* localizadas no Brasil ainda não foram incriminadas na transmissão de dengue ou outras arboviroses no território nacional (Martins *et al.*, 2006). Essa espécie foi introduzida no Brasil recentemente, na década de 1980, e possui preferência por habitats silvestres, embora também seja encontrada em ambientes urbanos (Ministério da Saúde, 2025).

As UDP-glicosiltransferases (UGTs) são uma família de enzimas encontradas em todos os reinos da vida, que incluem animais, plantas, fungos e alguns vírus (Bock, 2016). Elas atuam como doadoras de açúcares contendo difosfato de uridina a substâncias lipofílicas pequenas. Por meio da conjugação de moléculas, promovem a metabolização de compostos tóxicos exógenos e endógenos, com a consequente eliminação de substâncias indesejadas e desintoxicação (Ahn *et al.*, 2014).

Estudos com espécies de insetos, a exemplo *Anopheles funestus* e *Polyommatus icarus*, relacionaram a presença de UGTs com importantes processos biológicos, tais quais: pigmentação, esclerotização e desintoxicação (Ahn *et al.*, 2011; Hopkins, 1992; Wiesen *et al.*, 1994). Além disso, essas enzimas foram capazes de metabolizar inseticidas e potencialmente causar resistência, pelo aumento da excreção desses xenobióticos (Al-Yazeedi *et al.*, 2024; Li *et al.*, 2017; Zhou *et al.*, 2019).

Nas últimas décadas, tornou-se possível acessar sequências genômicas de inúmeros organismos em bases de dados públicas (Hu *et al.*, 2019). Desde então, estudos buscam analisar a diversidade e entender mais a fundo o papel biológico de vários genes e famílias gênicas, abrindo caminhos para resolver problemas práticos, tais como a questão da resistência de vetores e pragas a inseticidas, que tanto prejuízo econômico e social causam todos os anos (Huang *et al.*, 2008).

O genoma do mosquito *Aedes albopictus* foi publicado no ano de 2015 (Chen *et al.*, 2015). Ele possui mais de 68% de DNA repetitivo, sendo o maior genoma sequenciado entre os mosquitos. Dessa forma, o acesso público a esses dados biológicos, junto à disponibilidade de ferramentas de Bioinformática, fazem o desenvolvimento de estudos *in silico* uma área de atuação científica fundamental e necessária na investigação de genes e outros elementos genéticos nessa espécie.

Portanto, o presente trabalho analisou a diversidade e a evolução da família UGT em *Aedes albopictus*, com a finalidade de caracterizar seus genes e proteínas, trazendo à luz novas informações científicas sobre o tema. Enfatiza-se que esse é o primeiro estudo realizado para essa espécie.

2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

2.1 *Aedes albopictus* Skuse, 1894

Aedes albopictus Skuse, 1894 (Figura 1) é um inseto da ordem Diptera, família Culicidae. Esta família está subdividida nas subfamílias Anophelinae, Culicinae e Toxorhynchitinae. Por sua vez, na subfamília Culicinae, os gêneros mais importantes são *Culex* e *Aedes*, devido a sua relevância na transmissão de arboviroses (Rey, 2013).

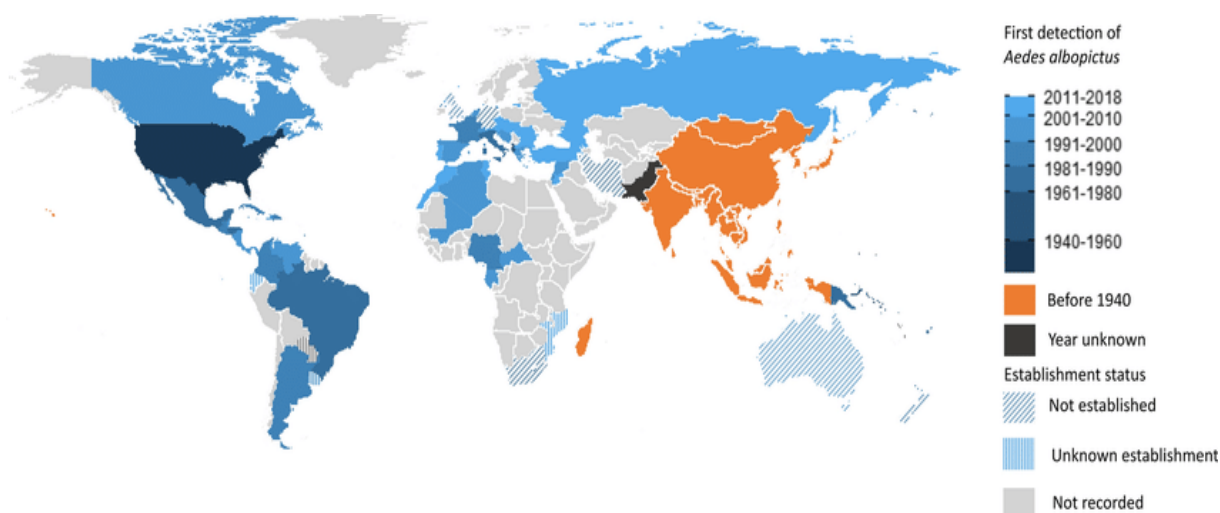
Figura 1 - Mosquito *Aedes albopictus*.



Fonte: Washington University (2014).

Quanto à distribuição geográfica, *Aedes albopictus* é considerado um mosquito cosmopolita (Figura 2), sendo originário da Ásia. No Brasil, seu primeiro relato ocorreu no estado do Rio de Janeiro em 1986. Essa espécie possui preferência por áreas naturais, rurais e silvestres. Todavia, observa-se uma recente adaptação ao ambiente urbano, provavelmente devido às mudanças climáticas e urbanização descontrolada (Noronha *et al.*, 2017).

Figura 2 - Distribuição mundial do mosquito *Aedes albopictus* ao longo do tempo.



Fonte: Swan *et al.* (2022).

Aedes albopictus é um inseto holometábolo, que mostra metamorfose completa, na qual ocorrem as seguintes fases: ovo, larva (com os estádios L1, L2, L3 e L4), pupa e adulto (Figura 3). Preferencialmente, as fêmeas fecundadas de *Aedes albopictus* depositam seus ovos em criadouros naturais, como: ocos de árvores e internódios de bambus (Brito; Forattini, 2004). Nos ambientes urbanos, também os depositam em criadouros artificiais que contenham água limpa parada, a exemplo: latas, garrafas e vasilhames de plástico (Silva *et al.* 2006).

Os ovos de *Aedes albopictus* são depositados individualmente nas paredes internas do criadouro. Eles são originalmente de cor branca e escurecem com o passar do tempo. São ovais e possuem de 1 a 2 milímetros (mm) de comprimento (Barros *et al.*, 2021; Gunara; Joeilanto; Ahmad, 2023).

As larvas são formadas por cabeça, tórax e abdômen. Na cabeça estão localizados os principais órgãos sensoriais e peças bucais. O abdômen é formado por oito segmentos. Na sua extremidade, está localizado o sifão respiratório, estrutura na qual se abrem os espiráculos para respiração aérea. A larva alimenta-se de matéria orgânica, bactérias, fungos e protozoários presentes na água. Elas são aquáticas (Barros *et al.*, 2021; Gomes *et al.*, 1995).

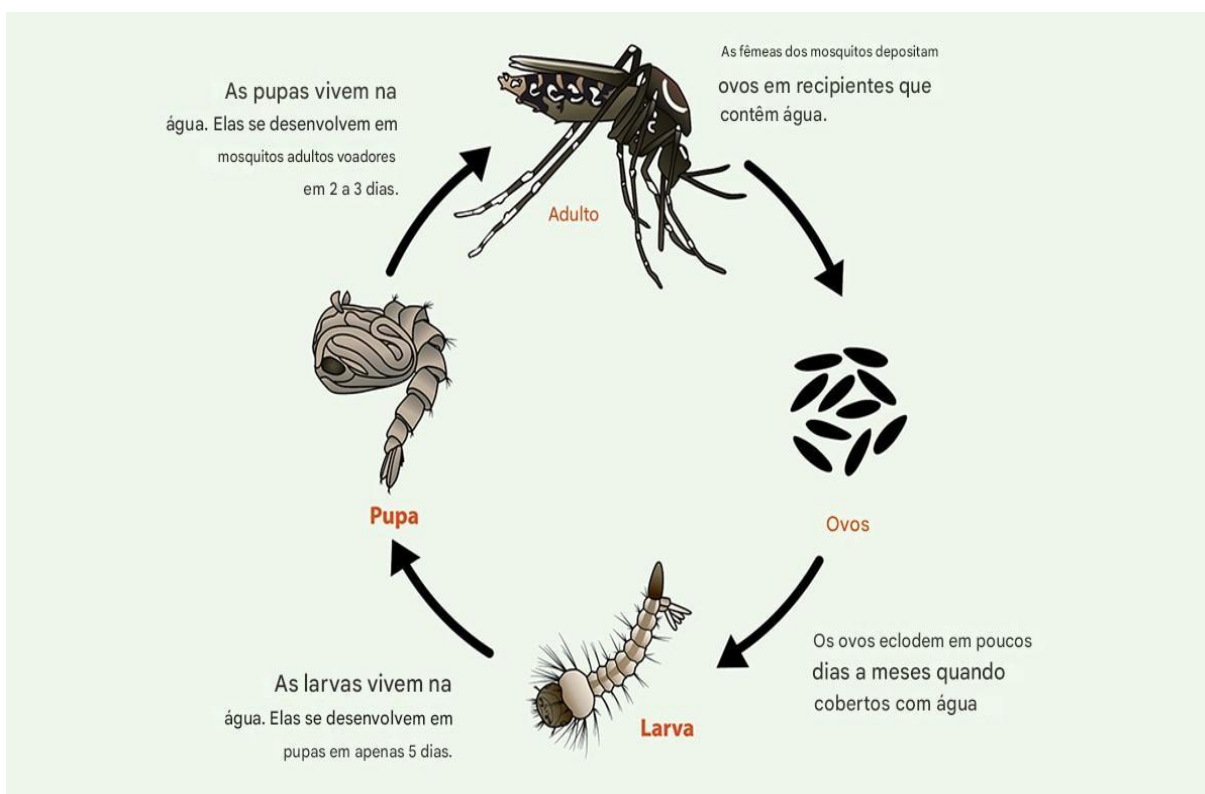
Por sua vez, as pupas não se alimentam. Possuem formato de vírgula, com o corpo dividido em cefalotórax e abdômen. No cefalotórax, localiza-se um par de

tubos respiratórios ou trompetas, que servem para a respiração do ar atmosférico (Anoopkumar *et al.*, 2017; Barros *et al.*, 2021).

As formas adultas são representadas pelo macho e pela fêmea. Possuem tegumento escuro com faixas brancas nos segmentos tarsais. *Aedes albopictus* possui o desenho de uma única listra no mesonoto, servindo de característica taxonômica distintiva entre espécies do gênero. Os machos apresentam antenas plumosas e palpos mais longos, enquanto as fêmeas apresentam antenas pilosas e palpos mais curtos (Anoopkumar *et al.*, 2017).

Machos e fêmeas alimentam-se da seiva de plantas e de outras fontes de carboidratos que fornecem energia para o voo e a realização de outras atividades. Apenas as fêmeas realizam hematofagia, que consiste na utilização de sangue como fonte de alimento. Tal comportamento é necessário para o desenvolvimento de seus ovários e promoção da vitelogênese, já que o sangue é uma rica fonte de aminoácidos e outros nutrientes essenciais. Consequentemente, elas são as transmissoras de patógenos aos seus hospedeiros (Forattini *et al.*, 2000).

Figura 3 - Ciclo de vida do mosquito *Aedes albopictus*.



Fonte: CDC (2024).

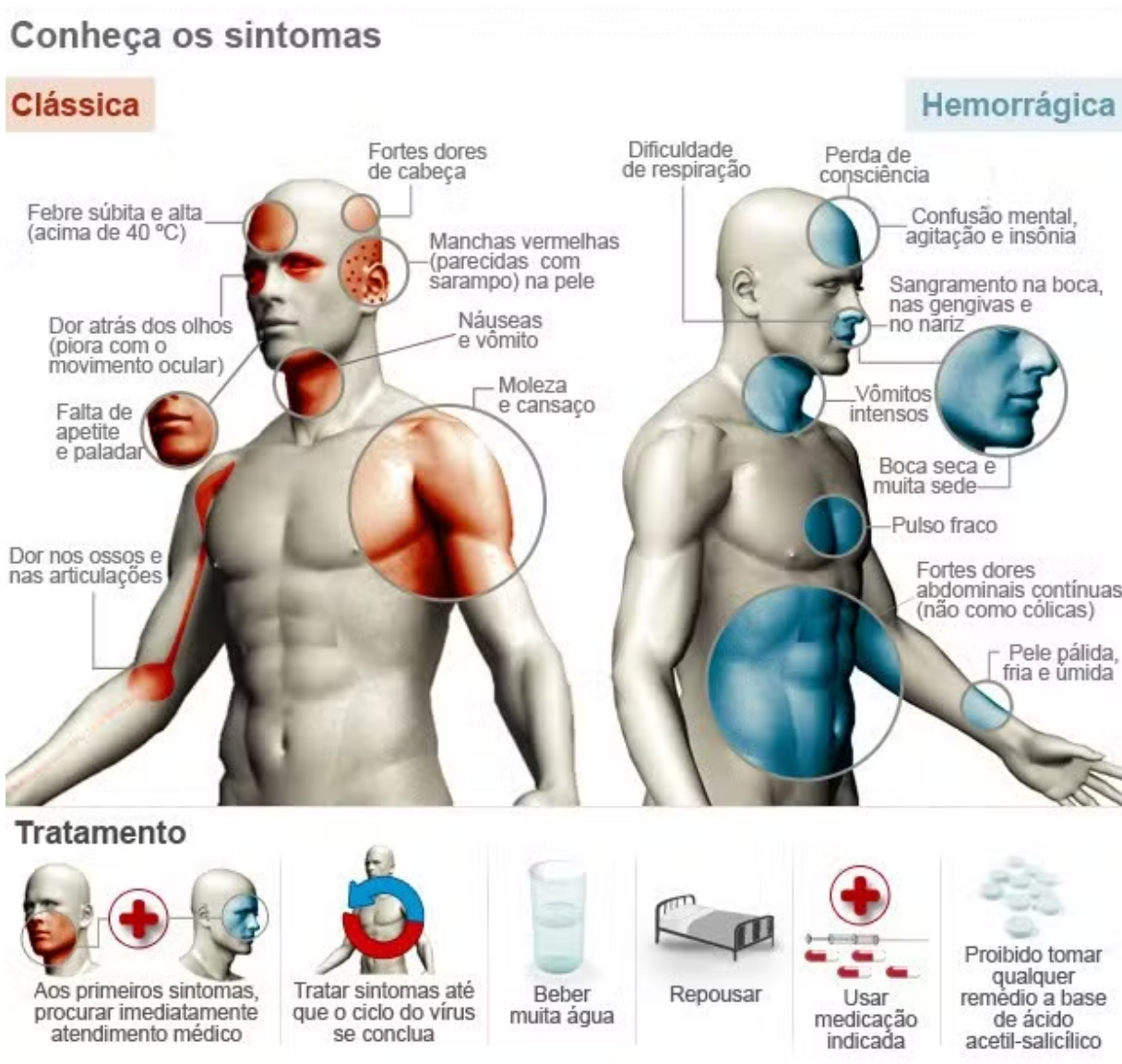
O mosquito *Aedes albopictus* é um importante vetor de arboviroses. Na Ásia, é o principal transmissor da dengue, podendo transmitir também chikungunya, zika e febre amarela (Ministério da Saúde, 2025). Até o momento, as populações de *Aedes albopictus* encontradas no Brasil ainda não foram incriminadas na transmissão natural de arboviroses (Ministério da Saúde, 2022).

A dengue é uma arbovirose causada por vírus de RNA dos quatro sorotipos (DENV1–4) do gênero *Flavivirus*. Seus sintomas variam de leve a grave, normalmente aparecendo de quatro a 10 dias após a picada (Figura 4). Na forma clássica, os sintomas geralmente são: febre alta e repentina, dor de cabeça intensa, dor muscular e nas articulações, dor nos olhos, fadiga, náuseas e vômitos. Já na forma hemorrágica, que é mais grave, os sintomas podem ser dores abdominais, vômitos persistentes com ou sem sangue, sangramentos sob a pele, sintomas de choque e desmaios (CDC, 2025; Ministério da Saúde, 2025).

O tratamento da dengue clássica envolve repouso, evitando esforço físico, ingerir bastante líquido para evitar desidratação e fazer uso do soro de reidratação oral. Com a orientação do médico, fazer a utilização de analgésicos e antitérmicos, como paracetamol ou dipirona, em caso de dor ou febre. Para a forma da dengue hemorrágica, o acompanhamento é realizado normalmente no hospital, podendo envolver o uso de soro intravenoso e os mesmos medicamentos utilizados na dengue clássica. Quando a pessoa perde muito sangue, pode ser necessária a transfusão sanguínea para repor o volume perdido pelo corpo ou as plaquetas, caso estejam muito baixas (Ministério da Saúde, 2025; OPAS, 2025).

Atualmente, existem duas vacinas contra a dengue sendo utilizadas no Brasil. Ambas usam formas atenuadas do vírus e servem para a imunização contra os quatro sorotipos. A Dengvaxia é indicada para crianças a partir de seis anos de idade, adolescentes e adultos até 45 anos. São necessárias três doses, com intervalo de seis meses, sendo contraindicada para pessoas sem contato anterior com a dengue. É encontrada nas Unidades Básicas de Saúde (UBSs), voltada para crianças e adolescentes de 10 a 14 anos, e, nos serviços privados, destinada ao restante do público. Já a vacina QDenga é indicada para crianças a partir de quatro anos de idade, adolescentes e adultos até 60 anos, podendo ser aplicada tanto em pessoas que entraram em contato com a dengue, quanto naquelas que nunca tiveram, sendo aplicada no esquema de duas doses, com intervalo de três meses. No momento, está disponível apenas na rede privada (Família SBIM, 2025).

Figura 4 - Sintomas e tratamento das formas clássica e hemorrágica da dengue.



Fonte: Adaptado de G1 (2015).

Não obstante, o principal e mais eficaz modo de prevenção da dengue ainda consiste em evitar o contato direto com o vetor. Para isso, procura-se principalmente eliminar qualquer condição que promova o acúmulo de água, que sirva como criadouro para suas formas imaturas. Portanto, ações simples como, tampar lixeiras, caixas d'água e outros tipos de reservatórios, limpar calhas, dispor corretamente recipientes e descartes que retêm água parada, a exemplo de pneus, latas e garrafas vazias, são fundamentais (BVS MS, 2007).

Segundo a Organização Mundial da Saúde (OMS), em 2024, houve mais de 7,6 milhões de casos de dengue relatados no mundo. É uma enfermidade também registrada em quase toda a América, com exceção do Canadá (Ministério da Saúde, 2025). No Brasil, em 2024, ocorreu a última epidemia, sendo relatado 6 milhões de casos prováveis, com seis mil óbitos e 378 em investigação (Painel de Monitoramento das Arboviroses, 2025).

A chikungunya é outra importante arbovirose, causada pelo vírus chikungunya (CHIKV), do gênero *Alphavirus*. De acordo com o Centro Europeu de Prevenção e Controle de Doenças (ECDC), no mundo houve cerca de 620.000 casos confirmados, com 213 mortes em 2025 (Centro Europeu de Controle de Doenças, 2025). O Brasil teve cerca de 260.000 casos confirmados em 2024, com 243 óbitos (Painel de Monitoramento das Arboviroses, 2025).

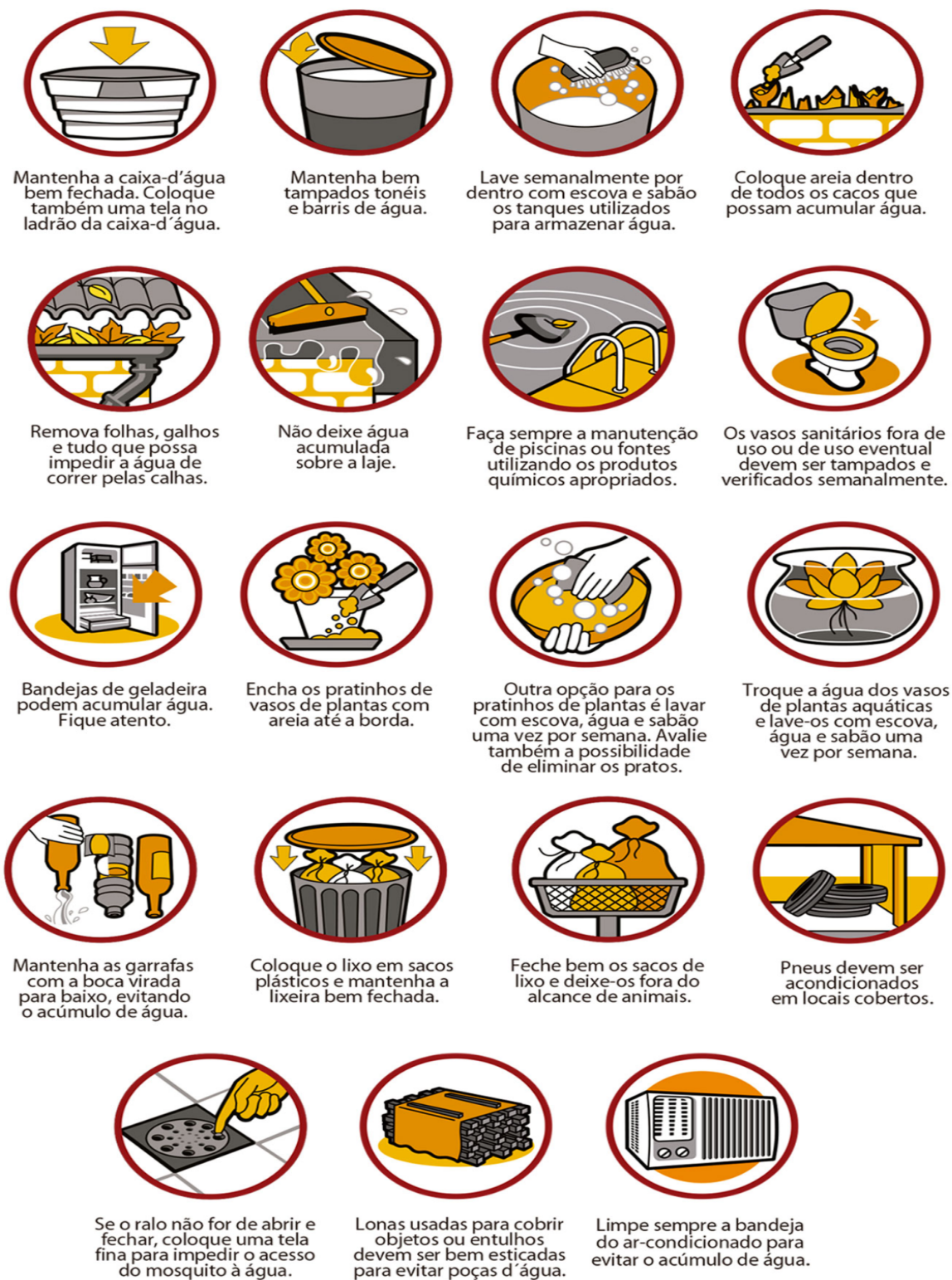
Dada a importância epidemiológica da dengue e chikungunya, além do risco aumentado de sua disseminação decorrente do aquecimento global e das mudanças climáticas, é essencial conhecer a biologia de seus vetores.

2.2 Controle vetorial

Como não existe tratamento e nem vacinas disponíveis para todas as arboviroses, a principal forma de evitar a sua disseminação é pelo combate às populações naturais dos seus transmissores, conhecido como controle vetorial (Ministério da Saúde, 2025). Por sua vez, este pode ser do tipo: físico, biológico, genético ou químico (Wermelinger; Ferreira, 2013).

O controle físico consiste na eliminação mecânica dos criadouros do mosquito. Para isso, podem ser realizadas buscas ativas, visando a identificação e eliminação de criadouros que acumulam água parada, como drenagem de locais com água parada, limpeza do recipiente, vedação e instalação de telas (Figura 5). Também podem ser empregadas armadilhas para capturar os vetores, sobretudo ovos do mosquito. Um exemplo muito comum são as ovitrampas (Figura 6).

Figura 5 - Folheto com medidas visando ao controle físico de mosquitos.



Fonte: COREN SC (2016).

Figura 6 - Ovitampa para a captura de ovos de *Aedes spp.*



Fonte: Agência Fiocruz (2014).

Por sua vez, o controle biológico está baseado na utilização de parasitas, patógenos ou predadores naturais ou moléculas biológicas para o controle da população vetorial. Uma das primeiras estratégias foi a utilização de peixes predadores de larvas do mosquito, como os da espécie *Gambusia affinis* (Figura 7). Todavia, esse método não é muito utilizado porque esses peixes não são tão eficientes e competem com as espécies nativas (Ministério da Saúde, 2025).

Figura 7 - Peixe-mosquito (*Gambusia affinis*), utilizado no controle biológico por ser predador de larvas de mosquito.

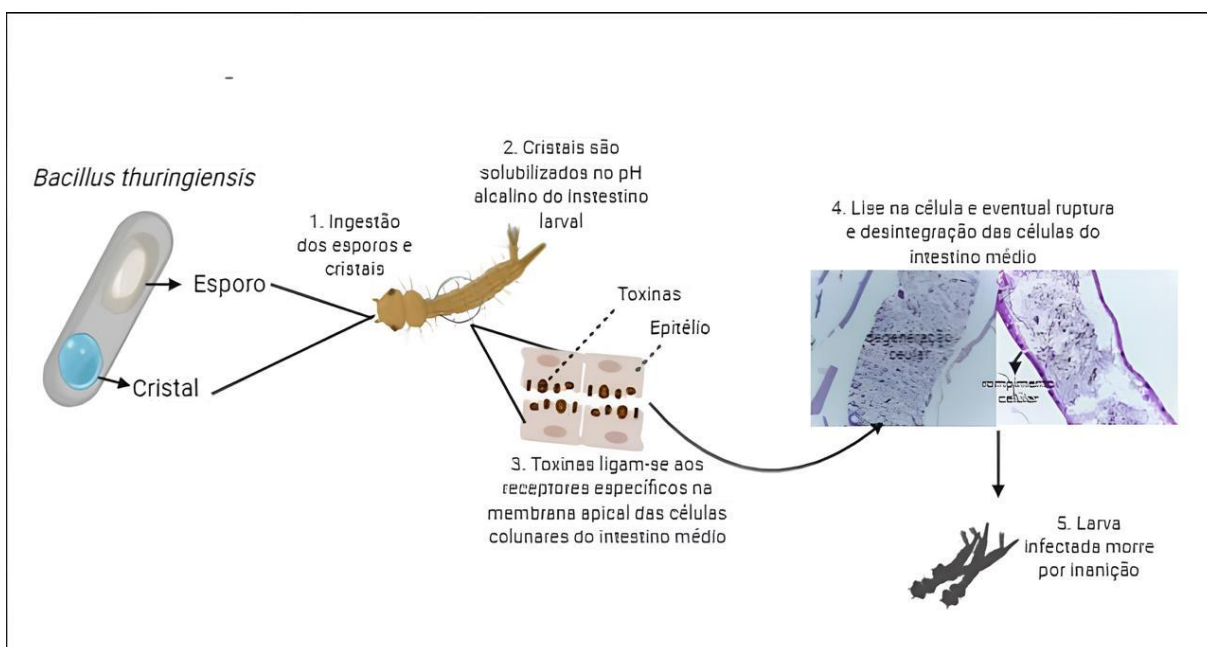


Fonte: BioDiversity4ALL (2024).

Atualmente, o uso da bactéria gram positiva *Bacillus thuringiensis israelensis* (Bti) é um dos mais bem sucedidos métodos de controle vetorial (Figura 8). *Bacillus thuringiensis israelensis* produz três toxinas Cry e uma toxina Cyt. A toxina Cry é um

cristal tóxico e a Cyt age com atividade citotóxica e hemolítica. Apesar de letais para a larva do mosquito, essas toxinas não afetam os seres humanos (Polanczyk; Garcia; Alves, 2003). Outro exemplo recente é a aplicação de espinosina, moléculas produzidas pela bactéria *Saccharopolyspora spinosa*, que agem como inseticidas, causando hiperexcitação no sistema nervoso, paralisia e morte do inseto (Bacci *et al.*, 2016).

Figura 8 - Mecanismo de ação das toxinas produzidas por *Bacillus thuringiensis israelensis* (Bti).



Fonte: Viana *et al.* (2021).

Já no controle genético, são utilizados mosquitos geneticamente modificados. A técnica do inseto estéril (TIE), por exemplo, consiste na liberação de machos previamente esterilizados por radiação na natureza, sendo produzida em biofábricas. Ao cruzar com as fêmeas selvagens, por competição, reduzem o potencial reprodutivo da população naquele local (Jornal da USP, 2025; Wilke *et al.*, 2009).

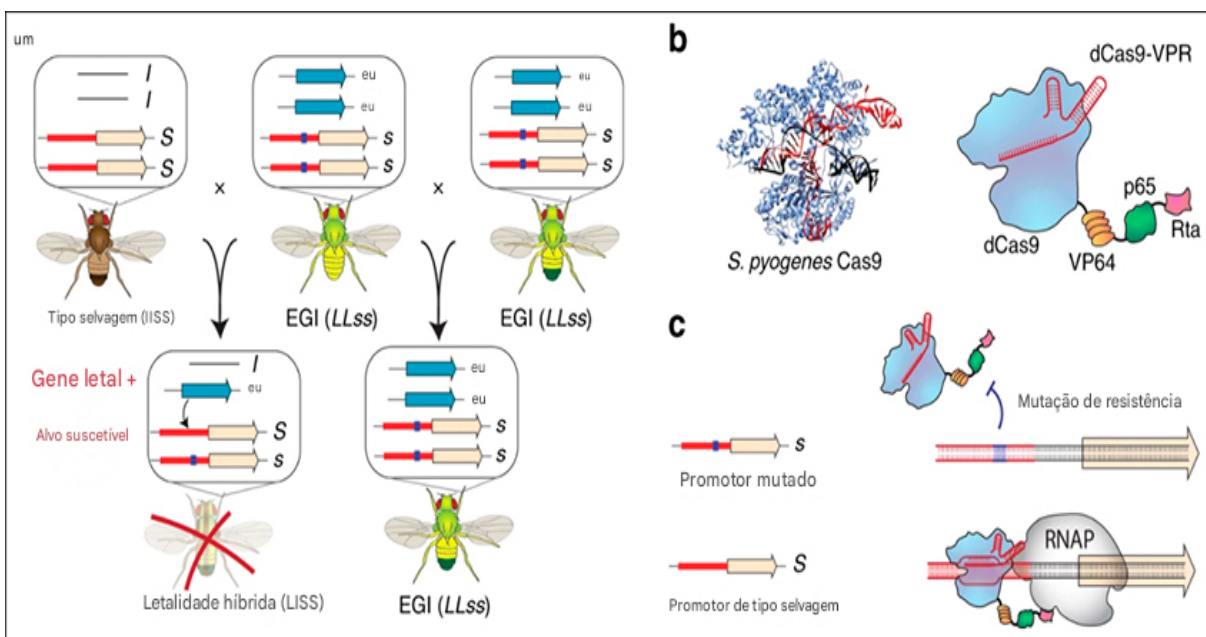
Outro método de controle genético utilizado é a liberação de insetos carregando um gene letal dominante (Release of Insect Carrying a Dominant Lethal Gene - RIDL), na qual os mosquitos modificados geneticamente, ao cruzar com os

mosquitos selvagens, levam ao declínio da população, por meio de um gene letal dominante associado a um promotor específico de fêmeas que, na presença de tetraciclina, não é expressa. Os machos, quando copulam com as fêmeas selvagens, produzem progênie heterozigotas, condição na qual somente os machos sobrevivem (Bouyer; Marois, 2018).

Recentemente, a utilização de técnicas baseadas em CRISPR para modificar o genoma pode direcionar diversos efeitos, tais como: esterilidade feminina, letalidade do embrião, conversão de fêmea para macho, esterilidade masculina, fêmeas incapazes de voar e incompatibilidade genética projetada. Esta última está representada na Figura 9 (Yan *et al.*, 2023).

Outro método de controle genético dos mosquitos é por sua infecção com *Wolbachia*, uma bactéria que causa incompatibilidade reprodutiva quando machos infectados cruzam com fêmeas não infectadas, resultando em ovos inviáveis. Nessa técnica, a bactéria é inserida nos ovos do mosquito em laboratório e depois os mosquitos (Wolbitos) são liberados em campo. Com o tempo, substituem a população local, contribuindo ainda para a redução da transmissão de arboviroses, já que essa bactéria também interfere na replicação viral dentro dos mosquitos (Angotti *et al.*, 2024; Ministério da Saúde, 2024).

Figura 9 - Exemplo de um Projeto de Incompatibilidade Genética Projetada para a geração de híbridos inviáveis pela técnica de CRISPR.



Fonte: Nature Communications (2020).

Mas o método mais utilizado é a aplicação de agentes químicos para o controle vetorial continua sendo o mais empregado (Figura 10). Por sua vez, os inseticidas químicos podem ser classificados de acordo com sua ação sobre a fase da vida do inseto: os larvicidas, que atuam contra as formas larvárias; e os adulticidas, usados no controle das formas adultas (Braga; Valle, 2007; Ministério da Saúde, 2025). Nos últimos anos, devido ao uso indiscriminado dessas substâncias, têm sido observadas aumento de populações de mosquitos resistentes ao seu uso, dificultando o controle vetorial (Braga; Valle, 2007), na qual o DDT (Dicloro-Difenil-Tricloroetano) foi o primeiro a ser amplamente utilizado , tornando-se menos eficaz pelo surgimento de populações resistente e efeitos nocivos sendo proibido em vários países, que foram relatadas pela bióloga Rachel Carson no Silent Spring (Primavera Silenciosa) (D'Amato; Torres; Malm, 2002);.

Figura 10 - Utilização do inseticida popularmente conhecido como “fumacê” no controle de surtos de dengue, reduzindo a população adulta do vetor.



Fonte: Ministério da Saúde (2024).

2.3 Resistência química a inseticidas

A resistência é definida como a capacidade de populações de insetos tolerar uma dose de inseticida que, em condições normais, levaria a sua morte, sendo uma característica genética. Populações de insetos, ácaros e outros artrópodes possuem uma proporção de indivíduos que detém o alelo que confere resistência a um determinado produto químico. Com o uso persistente de inseticidas que matam indivíduos com o alelo suscetível, mas não matam os que possuem o alelo resistente, populações resistentes podem surgir por seleção (Braga; Valle, 2007) (Figura 11). Os mecanismos de resistência conhecidos podem ser: penetração reduzida do inseticida, mutações no sítio-alvo e alterações metabólicas (Dang *et al.*, 2017).

Figura 11 - Modelo representativo da pressão de seleção e a emergência da resistência a inseticidas em uma população de insetos.



Fonte: IRAC (2022).

A penetração reduzida do inseticida ocorre quando o inseto possui modificações na sua cutícula que o tornam menos suscetível à ação do inseticida, ocorrendo por superexpressão de genes ou proteínas que pertencem a componentes estruturais, enzimas que catalisam reações enzimáticas ou transportadores ABC que promovem a translocação cuticular (Pereira; Moura, 2021).

As mutações no sítio-alvo ocorrem por alterações no DNA, afetando a estrutura ou função da proteína onde o inseticida atua. Isso ocorre porque o inseticida possui como alvo um receptor ou uma enzima que interrompe o seu funcionamento. Quando a mutação afeta a capacidade de o inseticida se ligar à proteína alterada, torna o inseto mais resistente (Uemura *et al.*, 2024).

A resistência metabólica ocorre por causa do aumento da capacidade de metabolização de determinado inseticida, podendo ser resultado da maior produção de enzimas ou da modificação funcional da enzima existente, tornando-a mais eficaz (Braga; Valle, 2007). Normalmente, a metabolização de compostos endógenos e xenobióticos é dividida em duas fases. Na fase 1, as enzimas atuam diretamente sobre a substância, ocasionando em sua oxidação, redução ou hidrólise, pela introdução de um grupo polar a essa molécula. Podemos mencionar as monooxigenases e esterases. Na fase 2, enzimas como glutathione S-transferases e UDP-glicosiltransferases atuam na conjugação de moléculas ao substrato, tornando-o mais hidrossolúvel e, conseqüentemente, mais facilmente excretado pelos organismos (Braga; Valle, 2007).

2.4 UDP-glicosiltransferases

As UDP-glicosiltransferases (UGTs) (Figura 12) são proteínas de extrema importância para todos os organismos, participando de processos como detoxificação e homeostasia. São encontradas em todos os domínios e reinos, desde bactérias, fungos, plantas e animais, incluindo alguns vírus (Bock, 2016). Elas atuam como doadoras de açúcares de difosfato de uridina a substâncias lipofílicas pequenas. Por meio da conjugação de moléculas, promovem a metabolização de compostos tóxicos exógenos e endógenos, com a conseqüente desintoxicação e eliminação de substâncias indesejadas (Al-Yazeedi *et al.*, 2024).

Figura 12 - Estrutura tridimensional de uma UDP-glicosiltransferase (UGT) na espécie *Arabidopsis thaliana*.



Fonte: rcsb (2016).

As UDP-glicosiltransferases são enzimas localizadas predominantemente na membrana plasmática. Sua estrutura proteica comum possui duas partes: um domínio de ligação do substrato aglicona N-terminal e um domínio de ligação UDP-glicosídeo C-terminal (Bock, 2016). A porção N-terminal apresenta como sinal um peptídeo que permite a integração do precursor da proteína ao retículo endoplasmático (RE). Depois, esse sinal é clivado e a proteína é N-glicosilada. A proteína madura fica retida na membrana do RE por seu domínio transmembrana hidrofóbico na extremidade C-terminal, seguido por uma curta cauda citoplasmática (Bock, 2016). Na parte C-terminal é encontrada o motivo FIT e as regiões DBR1 e DBR2, responsáveis pela ligação de doadores de açúcar (Al-Yazeedi *et al.*, 2024)

Normalmente, essas enzimas são codificadas por famílias gênicas e o número de integrantes varia de acordo com a espécie analisada. No mosquito *Anopheles sinensis*, análises *in silico* identificaram 30 genes *UGTs* (Zhou *et al.*, 2019), enquanto *Anopheles funestus* apresentou 27 *UGTs* (Al-Yazeedi *et al.*, 2024). Por sua vez, foram identificados 35 *UGTs* na mosca *Drosophila melanogaster* (Ahn; Marygold, 2021), enquanto em *Bombyx mori* foram contabilizados 42 *UGTs* (Huang *et al.*, 2008) e 23 em *Plutella xylostella* (Li *et al.*, 2017).

Em insetos herbívoros, especula-se que o número de genes *UGTs* está relacionado com os hábitos alimentares, decorrente da ingestão de metabólitos secundários produzidos pelas plantas hospedeiras. No geral, insetos polívoros possuem mais *UGTs*, enquanto oligófagos possuem menos. No hemíptero polívoro *Bemisia tabaci*, que se alimenta de 74 famílias e 500 espécies de plantas hospedeiras, foram encontrados 76 *UGTs* (Guo *et al.*, 2022). Por outro lado, no hemíptero monófago *Nilaparvata lugens*, que se alimenta apenas de arroz, foram encontrados apenas 20 *UGTs* (Zheng *et al.*, 2024).

Segundo o guia do comitê de Nomenclatura de UGTs (<https://labs.wsu.edu/ugt/>), as UGTs são classificadas em subfamílias. Originalmente, as subfamílias de número 1 a 50 são reservadas para animais, 51 a 70 para fungos, 71 a 100 para plantas e 101 a 200 para bactérias. Quando esses números se esgotam, é aumentado em 10 vezes o número original da subfamília.

Na mosca-da-fruta *Drosophila melanogaster*, por exemplo, foram identificadas 13 subfamílias. Foram elas: UGT35 (6 genes), UGT36 (4 genes), UGT37 (8 genes), UGT49 (3 genes), UGT50 (1 gene), UGT301 (1 gene), UGT302 (3 genes), UGT303 (4 genes), UGT304 (1 gene), UGT305 (1 gene), UGT307 (1 gene), UGT316 (1 gene) e UGT317 (1 gene) (Ahn; Marygold, 2021).

Por sua vez, na cigarrinha marrom do arroz (*Nilaparvata lugens*), foram encontradas apenas as quatro subfamílias: UGT386 (17 genes), UGT362 (1 gene), UGT385 (1 gene) e UGT329 (1 gene) (Zheng *et al.*, 2024).

No estudo com o mosquito *Anopheles funestus* (Al-Yazeedi *et al.*, 2024), as UGTs foram classificadas em 12 subfamílias, a saber: UGT308 (9 genes), UGT301 (3 genes), UGT302 (3 genes), UGT306 (3 genes), UGT36 (2 genes), UGT301 (1 gene), UGT302 (3 genes), UGT303 (4 genes) e 1 gene em cada um das seguintes subfamílias : UGT49, UGT50, UGT309, UGT310, UGT313, UGT314 e UGT315.

Ressalta-se que também foi observada a expansão gênica da família UGT308 em outras espécies. Dos 30 genes *UGTs* identificados em *Anopheles sinensis*, por exemplo, 11 pertenciam à subfamília UGT308 (Zhou *et al.*, 2019). Em *Sphaerophoria rueppellii*, foram observados seis genes pertencentes a esta subfamília dentre os demais 46 *UGTs* localizados (Bailey *et al.*, 2022).

Em 2015, foi publicado o primeiro genoma do mosquito *Aedes albopictus*. O seu genoma de referência está depositado na base de dados do NCBI sob o número de acesso GCF_035046485.1. As amostras utilizadas estão descritas como *Aedes albopictus* var. Foshan, provenientes da Universidade Rockefeller. Até o momento, possui o maior genoma entre os mosquitos sequenciados. Apresenta muito DNA repetitivo, mais do que 68%. O repertório gênico de *Aedes albopictus* mostra cerca de 25.000 genes codificadores de proteínas (Chen *et al.*, 2015).

Até 07 de Agosto de 2025, não foram realizados estudos sobre os genes de detoxificação da família UGT de *Aedes albopictus* em nível genômico. Portanto, esse trabalho buscou descrever a diversidade e a evolução dessas proteínas e trazer luz sobre suas bases moleculares em processos de biotransformação.

3 OBJETIVOS

3.1 Objetivo geral

Analisar os genes e proteínas que codificam a família UDP-glicosiltransferase (UGT) na espécie *Aedes albopictus* por abordagens *in silico*.

3.2 Objetivos específicos

- Identificar e classificar prováveis membros da família das UDP-glicosiltransferases (UGTs) no genoma de *Aedes albopictus*.
- Verificar a presença de domínios conservados nas sequências proteicas das UGTs candidatas.
- Caracterizar as UGTs quanto ao peso molecular, ponto isoelétrico e localização subcelular.
- Demonstrar a estrutura gênica das UGTs de *Aedes albopictus*.
- Mapear os genes que codificam UGTs nos cromossomos de *Aedes albopictus*.

4 METODOLOGIA

4.1 Identificação e classificação de UDP-glicosiltransferases (UGTs) em *Aedes albopictus*

O ponto de partida para a identificação das UDP-glicosiltransferases (UGTs) foi a obtenção do genoma e proteoma de *Aedes albopictus* por meio do banco de dados público do National Center for Biotechnology Information (NCBI - <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). Por sua vez, as sequências-sonda foram obtidas por meio das UGTs descritas para o díptero *Drosophila melanogaster* (Ahn; Marygold, 2021), que foi escolhida por ser uma espécie modelo, com as UGTs conhecidas e esse trabalho procurou uma atualização na classificação.

A seguir, tais sequências foram utilizadas como *query* para a realização de um BLASTp contra o proteoma de *Aedes albopictus* no programa Bioedit versão 7.0.9.0 (Hall, 1999). Por fim, a ferramenta Galaxy (<https://usegalaxy.org/>) foi usada na edição dos resultados.

Para a análise filogenética, inicialmente foi realizado um alinhamento múltiplo de sequências com todas as sequências candidatas, junto às sequências ortólogas de *Drosophila melanogaster* (Ahn; Marygold, 2021), *Aedes aegypti* e *Anopheles gambiae* (Al-Yazeedi *et al.*, 2024), usando a ferramenta ClustalW (THOMPSON *et al.*, 1994) presente no programa MEGA 11 (KUMAR *et al.*, 2018). A árvore filogenética foi obtida pelo método de Neighbor-Joining, utilizando o modelo de substituição de Jones-Taylor-Thornton (JTT) com *bootstrap* de 2000 repetições, pelo emprego do programa MEGA 11 (Kumar *et al.*, 2018).

4.2 Identificação de domínios e motivos

Para a identificação de domínios proteicos característicos das UDP-glicosiltransferases (UGTs), foi utilizada a ferramenta Batch Web CD-Search Tool do NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/cdd/wrpsb.cgi>).

Após a verificação e confirmação dos domínios, os motivos foram identificados por meio do programa MEME Suite 5.5.4 (Bailey *et al.*, 2015). Além disso, foi realizado um alinhamento das sequências candidatas usando a ferramenta ClustalW (Thompson *et al.*, 1997) presente no programa MEGA 11 (Kumar *et al.*, 2018) para a identificação visual dos motivos característicos.

4.3 Caracterização das UDP-glicosiltransferases

Para a obtenção dos parâmetros físico-químicos, como o peso molecular e o ponto isoelétrico, foi utilizado o programa JVirGel 2.0 (Hiller *et al.*, 2006). A localização subcelular foi determinada usando o programa Cello 2.5 (Yu *et al.*, 2006).

4.4 Localização cromossômica e estrutura gênica

Para determinar a localização cromossômica dos genes que codificam UDP-glicosiltransferases (UGTs) em *Aedes albopictus* e a visualização da sua estrutura gênica, foram utilizados os recursos disponíveis no programa TBtools (Chen *et al.*, 2023).

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 Identificação e classificação das UDP-glicosiltransferases (UGTs) de *Aedes albopictus*

A pesquisa por genoma no NCBI para *Aedes albopictus* resultou em sete resultados. Apenas um deles foi selecionado, o NCBI RefSeq assembly GCF_035046485.1 (BioProject: PRJNA942918), que possui tamanho de 1,3 Gigabase (Gb), três cromossomos, uma organela e 20.424 genes que codificam proteínas.

As pesquisas realizadas com as sequências *query* (sequências-sonda) das UDP-glicosiltransferases (UGTs) de *Drosophila melanogaster* resultaram na identificação de 46 sequências candidatas no proteoma de *Aedes albopictus*. Destas, 36 sequências corresponderam a genes. O tamanho das proteínas variou de 452 (XP_062715302.1, XP_062715304.1, XP_062715305.1 e XP_062715306.1) a 1073 aminoácidos (XP_062703700.1) (Tabela 1).

A classificação dos 36 genes *UGTs* presentes no genoma de *Aedes albopictus* procedeu conforme sua semelhança com os *UGTs* de *Drosophila melanogaster* (34 sequências), *Aedes aegypti* (32 sequências) e *Anopheles gambiae* (23 sequências). Para isso, um dendrograma foi construído a partir de 125 sequências (Figura 13).

No total, foram identificadas 12 subfamílias em *Aedes albopictus*. Dez genes foram classificados na subfamília UGT308, 6 genes nas subfamílias UGT301 e UGT302, 3 genes na subfamília UGT306, 2 genes nas subfamílias UGT36, UGT49 e UGT310 e apenas um gene nas subfamílias: UGT50, UGT309, UGT313, UGT314 e UGT315. Destaca-se que as subfamílias UGT35, UGT37, UGT303, UGT304,

UGT305, UGT316 e UGT317 foram encontradas exclusivamente em *Drosophila melanogaster*, possivelmente refletindo a maior distância evolutiva entre os grupos filogenéticos analisados.

O primeiro trabalho que sistematicamente identificou esses genes homólogos em espécies de mosquitos foi realizado por Zhou *et al.* (2019). Os autores identificaram 30 sequências genômicas correspondentes a proteínas UGTs em *Anopheles sinensis*, importante vetor da malária na Ásia. Todas as 12 subfamílias identificadas foram as mesmas descritas em *Aedes albopictus*, apontando para uma conservação evolutiva entre essas espécies. A subfamília UGT308 apresentou a maior expansão, com dez genes, seguida por UGT302 (quatro genes) e pelas subfamílias UGT301, UGT303 e UGT306, com três genes cada. As demais continham uma ou duas cópias. O tamanho das sequências proteicas variou de 466 a 570 aminoácidos.

De forma semelhante, em *Anopheles funestus*, importante vetor africano da malária, foram identificadas 27 enzimas UGTs distribuídas em 12 subfamílias distintas (Yazeedi *et al.*, 2024). A subfamília UGT308 apresentou a maior expansão, com nove genes, seguida por UGT303 (quatro genes) e pelas subfamílias UGT301, UGT302 e UGT306, com três genes cada. As demais continham uma ou duas cópias. O tamanho das proteínas variou entre 511 e 550 aminoácidos.

Comparativamente, em *Drosophila melanogaster*, importante modelo genético, foram identificadas 35 UGTs, distribuídas entre 13 subfamílias. Destaca-se que as subfamílias UGT35, UGT37, UGT303, UGT304, UGT305, UGT316 e UGT317 não foram encontradas nos mosquitos. A variação no tamanho das sequências foi maior, de 516 a 636 aminoácidos, sugerindo possível diversidade funcional (Ahn; Marygold, 2021).

Em *Bombyx mori*, o bicho-da-seda, Huang *et al.* (2008) identificaram 42 UGTs e classificaram em cinco grandes grupos, com tamanhos que variaram de 474 a 521 aminoácidos. Apesar de menor diversidade em subfamílias, o número total de UGTs foi superior ao observado nos dípteros relatados anteriormente.

Por outro lado, em *Bemisia tabaci*, praga com significativo hábito alimentar polifágico, foram identificadas 76 UGTs, o maior número entre os organismos analisados (Guo *et al.*, 2022). Essas enzimas foram classificadas em 15 subfamílias distintas, sendo a maioria pertencente à subfamília UGT352, com 36 genes, seguida

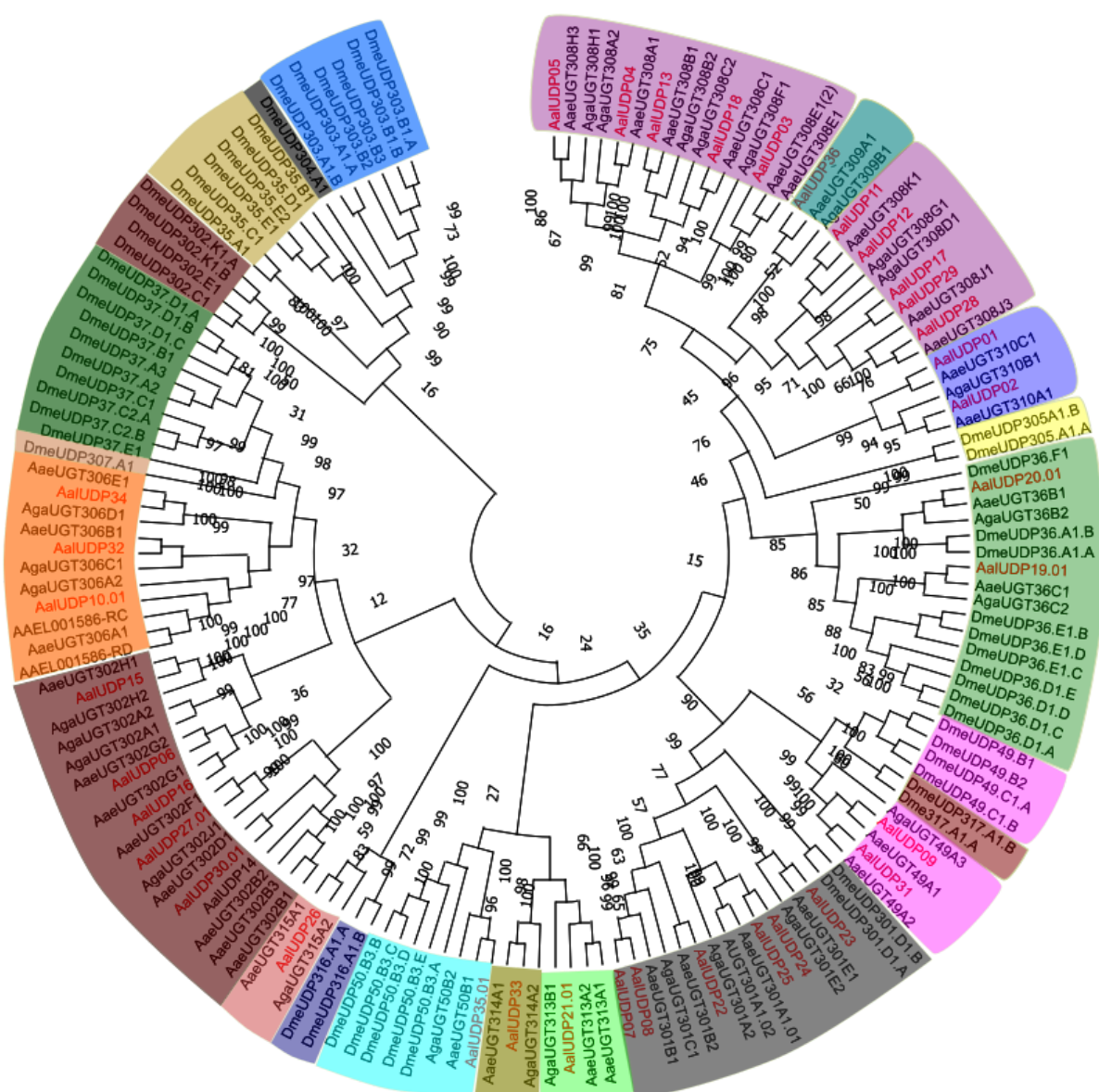
por UGT353, com 14 genes, o que indica uma ampla diversificação gênica, possivelmente associada à sua adaptabilidade a múltiplas plantas hospedeiras.

Já em *Plutella xylostella*, importante praga de crucíferas, foram encontradas 23 UGTs, sendo a maioria pertencente à subfamília UGT33, com 5 genes, com comprimento variando entre 507 e 547 aminoácidos (Li *et al.*, 2017). Número semelhante foi observado em *Nilaparvata lugens*, praga do arroz, na qual foram identificados 20 UGTs, sendo a maioria pertencente à subfamília UGT386, com 17 genes (Zheng *et al.*, 2024). Este padrão revela uma expansão localizada em uma única subfamília, diferente da diversificação vista em outras espécies.

Em *Sphaerophoria rueppellii*, importante polinizador e agente de controle biológico, 46 genes UGTs foram identificados e distribuídos em 14 subfamílias (Bailey *et al.*, 2022). Dentre elas se destacam as subfamílias UGT308, UGT36, UGT49, UGT302, UGT430, UGT37 e UGT43, com 39 genes. Novamente, a variedade de subfamílias sugere uma diversidade funcional.

Finalmente, em *Schlechtendalia chinensis*, pulgão conhecido por formar galhas com propriedades medicinais, foram identificadas apenas 18 UGTs, agrupadas nas subfamílias UGT4 e UGT5, refletindo uma organização gênica mais restrita (He; Crabbe; Ren, 2022).

Figura 13 - Árvore filogenética refletindo a classificação das UDP-glicosiltransferases (UGTs) no genoma de *Aedes albopictus*.



Legenda: roxo: UGT308; azul petróleo: UGT309; azul: UGT310; amarelo: UGT305; verde: UGT36; magenta: UGT49; bordô: UGT317; cinza: UGT301; verde limão: UGT313; oliva: UGT314; azul piscina: UGT316; rosa: UGT315; marrom: UGT302; laranja: UGT306; bege: UGT307; verde musgo: UGT37; ouro velho: UGT35; preto: UGT304; azul claro: UGT303.

Fonte: Diniz (2025).

5.2 Análise de domínios e motivos das UDP-glicosiltransferases (UGTs) de *Aedes albopictus*

Nas sequências candidatas de *Aedes albopictus*, foram identificados dois diferentes domínios pela utilização do banco de dados do CDD ou do PFAM. O domínio mais presente foi o Glycosyltransferase GTB-type superfamily, conforme esperado, por ser característico para as UDP-glicosiltransferases (UGTs) (Tabela 1). A maioria das sequências apresentou domínios completos, com exceção da sequência XP_062715307.1, que mostrou quebra na região N-terminal (dados não apresentados). Com isso, todas as proteínas identificadas pelo BLASTp foram confirmadas. Cada um dos IDs dessas sequências está descrito na Tabela 1, sendo utilizados apenas os resultados do banco de dados do CDD.

A identificação de dez motivos conservados nas UGTs candidatas de *Aedes albopictus* por meio da ferramenta MEME revela uma forte conservação estrutural entre essas enzimas, refletida tanto na presença quanto na ordenação desses motivos. A conservação da assinatura FIT (Fenilalanina-Isoleucina-Treonina) no primeiro domínio, observada na Figura 14, reforça sua relevância funcional, uma vez que esse tríptico é característico das UGTs e está diretamente envolvido na ligação à fração UDP do açúcar nucleotídeo. A ordenação predominante dos motivos (7-5-9-8-3-4-6-1-10-2), comum à maioria das sequências, sugere uma conservação evolutiva funcional, embora exceções, como as sequências AalUDP27.02 e AalUDP23, indiquem possíveis eventos de diversificação funcional ou truncamentos gênicos.

A análise por alinhamento múltiplo (Figura 16) confirmou a presença dos motivos FIT, DBR1 (SMG) e DBR2 (WKF), todos associados à função catalítica da transferência de grupos glicosil. A posição relativamente próxima desses domínios no alinhamento (DBR1 entre os resíduos 860 e 863, DBR2 entre 892 e 940 e FIT entre 930 e 959) aponta para uma organização funcional compacta dessas regiões, possivelmente facilitando a interação com substratos durante a glicosilação.

Ao comparar esses resultados com os de outras espécies, como *Anopheles funestus*, *An. sinensis*, *Schlechtendalia chinensis* e *Nilaparvata lugens*, observa-se tanto a conservação do número de motivos quanto a variabilidade na sua organização e localização. Em *An. funestus*, por exemplo, o motivo FIT apresenta consenso altamente conservado (FITHGGLSTQEAIYHGVPIVGIPFFGDQ) e está relativamente localizado entre os resíduos 410 e 439, enquanto os domínios DBR1 e DBR2 aparecem em posições ainda mais próximas (340 a 343 e 370 a 439,

respectivamente), o que é semelhante à distribuição observada em *Aedes albopictus*. De modo semelhante, o consenso do motivo FIT em *An. sinensis* difere por um único aminoácido (GIPXFGDQ vs. GIPFFGDQ), e suas posições no alinhamento (FIT: 324–352; DBR2: 302–352; DBR1: 249–251) também indicam uma arquitetura proteica similar.

O estudo com *S. chinensis* também mostrou dez motivos conservados com comprimento similar ao encontrado em *Ae. albopictus* (15 a 50 aa), e ausência parcial de alguns motivos em algumas sequências. Já em *N. lugens*, apesar de também terem sido identificados dez motivos, a variação do número de motivos por UGT (5 a 10) indica uma diversidade estrutural mais ampla. Essa variabilidade pode estar associada a uma maior especialização funcional ou à presença de pseudogenes e isoformas parciais (Ahn; Vogel; Heckel, 2012).

Assim, os dados de *Ae. albopictus*, ao serem comparados com outras espécies, reforçam tanto a conservação dos elementos catalíticos essenciais das UGTs quanto a plasticidade estrutural dessas enzimas. Tais variações estruturais podem ter implicações diretas na capacidade metabólica desses insetos, influenciando, por exemplo, a resistência a xenobióticos e inseticidas, aspecto de particular relevância dada a importância vetorial de *Ae. albopictus*.

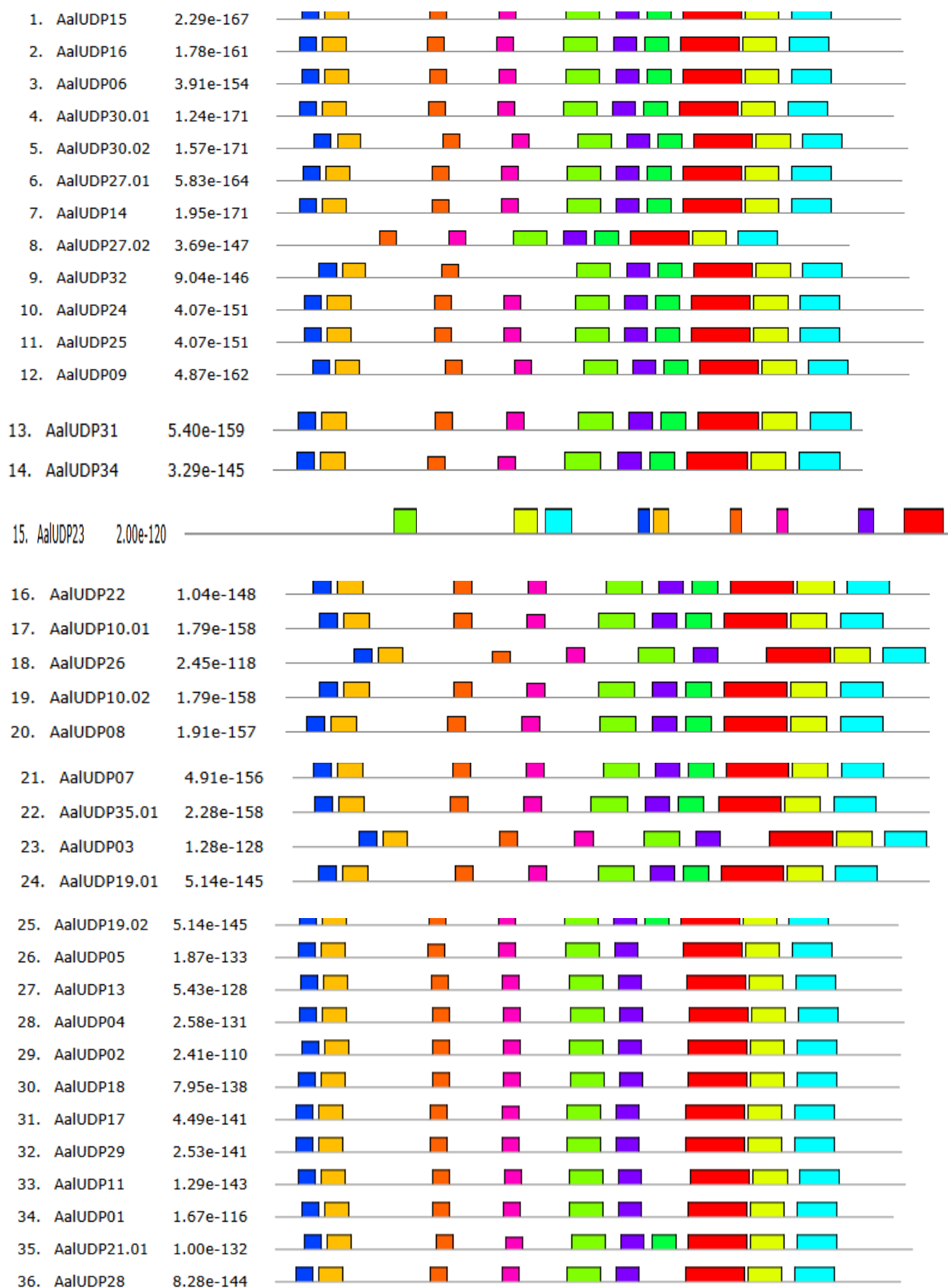
Figura 14 - Motivos das UDP-glicosiltransferases (UGTs) identificados no proteoma de *Aedes albopictus*. Letras de maior tamanho indicam maior conservação de

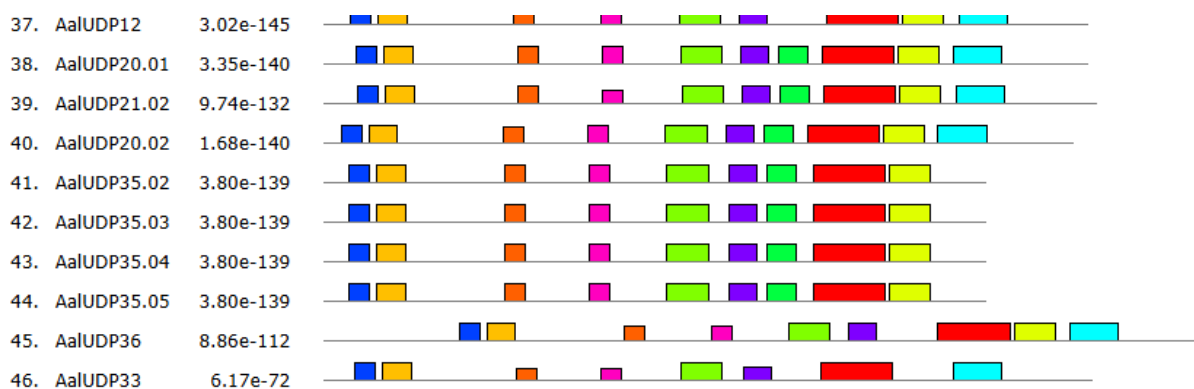
aminoácidos nas sequências comparadas. A assinatura de sequência FIT (Fenilalanina-Isoleucina-Treonina) pode ser visualizada no primeiro domínio.



Fonte: Diniz (2025).

Figura 15 - Arquitetura dos motivos das UDP-glicosiltransferases (UGTs) identificadas no proteoma de *Aedes albopictus*. Cada barra representa um motivo detectado, nas quais as barras de mesma cor representam motivos em comum.





Fonte: Diniz (2025).

Figura 16 - Alinhamento múltiplo de sequências de aminoácidos das UDP-glicosiltransferases (UGTs) identificadas no genoma de *Aedes albopictus*, evidenciando os motivos DBR1, DBR2 e FIT. Quanto mais escura a cor da coluna, mais conservado é o resíduo de aminoácido destacado.

DBR1 DBR2

```

00          820          840          860          880          900
AalUDP_16 : KKRAISVLNINHFSSYPKPVGVGVEGCGMHNVRVKPKDQDQSFDTA-TDVFVMSGSSKSKLPLEKRDPAFHVSKSLKORVQWKEEDAN-LDGRKLVNQVQ : 341
AalUDP_16 : KNAVGVNINHFSSYPKPVGVGVEGCGMHNVRVKPKDQDQSFDTA-TDVFVMSGSSKSKLPLEKRDPAFHVSKSLKORVQWKEEDAN-LDGRKLVNQVQ : 341
AalUDP_06 : KDADVSLVNNHFFSSYPKPVDPNVEGCGPHKRRKKNVDQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLPLEKRDPAFHVSKSLKORVQWKEEDAN-LDGRKLVNQVQ : 342
AalUDP_30 : KNTSVNLVNHQHFAGFSGRSPRYPNVEGCGIHRNVKPKDQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAS-ITDVFSLVLR : 343
AalUDP_30 : KNTSVNLVNHQHFAGFSGRSPRYPNVEGCGIHRNVKPKDQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAS-ITDVFSLVLR : 343
AalUDP_27 : KNTSVNLVNHQHFAGFSGRSPRYPNVEGCGIHRNVKPKDQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAS-ITDVFSLVLR : 352
AalUDP_27 : KNTSVNLVNHQHFAGFSGRSPRYPNVEGCGIHRNVKPKDQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAS-ITDVFSLVLR : 352
AalUDP_27 : KNTSVNLVNHQHFAGFSGRSPRYPNVEGCGIHRNVKPKDQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAS-ITDVFSLVLR : 352
AalUDP_27 : KNTSVNLVNHQHFAGFSGRSPRYPNVEGCGIHRNVKPKDQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAS-ITDVFSLVLR : 352
AalUDP_27 : KNTSVNLVNHQHFAGFSGRSPRYPNVEGCGIHRNVKPKDQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAS-ITDVFSLVLR : 352
AalUDP_24 : KSIWLVNINSHVSTSSPR-TISGVN-A-ABR-K-PENS-DQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350
AalUDP_25 : KSIWLVNINSHVSTSSPR-TISGVN-A-ABR-K-PENS-DQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350
AalUDP_09 : KCIWLVNINSHVSTSSPR-TISGVN-A-ABR-K-PENS-DQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350
AalUDP_31 : KCIWLVNINSHVSTSSPR-TISGVN-A-ABR-K-PENS-DQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350
AalUDP_34 : RNVSVNLVNHQHFERTSPYVQAGVVEGCGLOKQTPDDQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350
AalUDP_23 : KNTSVNLVNHQHFERTSPYVQAGVVEGCGLOKQTPDDQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350
AalUDP_22 : KSIWLVNINSHVSTSSPR-TISGVN-A-ABR-K-PENS-DQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350
AalUDP_10 : LD-LSVNLVNHQHFERTSPYVQAGVVEGCGLOKQTPDDQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350
AalUDP_10 : LD-LSVNLVNHQHFERTSPYVQAGVVEGCGLOKQTPDDQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350
AalUDP_08 : KSIWLVNINSHVSTSSPR-TISGVN-A-ABR-K-PENS-DQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350
AalUDP_07 : KSIWLVNINSHVSTSSPR-TISGVN-A-ABR-K-PENS-DQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350
AalUDP_35 : RNVSVNLVNHQHFERTSPYVQAGVVEGCGLOKQTPDDQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350
AalUDP_19 : KRTSVNLVNHQHFERTSPYVQAGVVEGCGLOKQTPDDQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350
AalUDP_05 : KKIWLVNINSHVSTSSPR-TISGVN-A-ABR-K-PENS-DQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350
AalUDP_13 : TR-TGVNLVNHQHFERTSPYVQAGVVEGCGLOKQTPDDQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350
AalUDP_02 : KRTSVNLVNHQHFERTSPYVQAGVVEGCGLOKQTPDDQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350
AalUDP_18 : HLSKLVNINSHVSTSSPR-TISGVN-A-ABR-K-PENS-DQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350
AalUDP_17 : RD-ARLVNINSHVSTSSPR-TISGVN-A-ABR-K-PENS-DQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350
AalUDP_29 : RD-ARLVNINSHVSTSSPR-TISGVN-A-ABR-K-PENS-DQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350
AalUDP_20 : KSIWLVNINSHVSTSSPR-TISGVN-A-ABR-K-PENS-DQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350
AalUDP_01 : KSIWLVNINSHVSTSSPR-TISGVN-A-ABR-K-PENS-DQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350
AalUDP_21 : HR-IDFNLVNHQHFERTSPYVQAGVVEGCGLOKQTPDDQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350
AalUDP_28 : KRTSVNLVNHQHFERTSPYVQAGVVEGCGLOKQTPDDQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350
AalUDP_12 : KNTSVNLVNHQHFERTSPYVQAGVVEGCGLOKQTPDDQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350
AalUDP_20 : KNTSVNLVNHQHFERTSPYVQAGVVEGCGLOKQTPDDQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350
AalUDP_35 : RNVSVNLVNHQHFERTSPYVQAGVVEGCGLOKQTPDDQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350
AalUDP_35 : RNVSVNLVNHQHFERTSPYVQAGVVEGCGLOKQTPDDQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350
AalUDP_35 : RNVSVNLVNHQHFERTSPYVQAGVVEGCGLOKQTPDDQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350
AalUDP_36 : KRTSVNLVNHQHFERTSPYVQAGVVEGCGLOKQTPDDQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350
AalUDP_33 : ES-ADLVNINSHVSTSSPR-TISGVN-A-ABR-K-PENS-DQDQSFENRSLDVFVMSGSSKSKLFTTKHRDAFHVSKSLKORVQWKEEDAI-MNVNKKVMR : 350

```

[illegible]

Legenda: DBR1: retângulo Vermelho; DBR2: retângulo azul; FIT: retângulo verde.

Fonte: Diniz (2025).

5.3 Caracterização das UDP-glicosiltransferases (UGTs) de *Aedes albopictus*

Em relação às características físico-químicas, o peso molecular previsto para as UDP-glicosiltransferases (UGTs) candidatas em *Aedes albopictus* variou entre

50,80 kDa (XP_062715302.1, XP_062715304.1, XP_062715305.1 e XP_062715306.1) e 123,49 kDa (XP_062703700.1), enquanto o ponto isoelétrico mínimo foi 5,688 (XP_029736199.1) e o máximo foi 9,676 (XP_019537578.3) (Quadro 1). Essa diversidade sugere uma possível especialização funcional entre os membros da família gênica, refletindo diferentes papéis fisiológicos e metabólicos nos processos de detoxificação e modulação de substratos endógenos ou xenobióticos (Al-Yazeedi et al., 2024).

Comparativamente, os valores observados em *Aedes albopictus* corroboram com estudos conduzidos em outras espécies de insetos, como *Nilaparvata lugens*, cujas UGTs apresentaram pesos moleculares entre 41,75 e 63,42 kDa (Zheng et al., 2024), e *Plutella xylostella*, com variação entre 56,52 e 60,92 kDa (Li et al., 2017). Essa semelhança sugere uma conservação estrutural entre as UGTs de diferentes ordens de insetos, especialmente no que tange ao tamanho da proteína, que pode estar associado à manutenção da estrutura funcional da enzima.

Os valores observados quanto ao ponto isoelétrico se mostraram compatíveis com os dados relatados em *Nilaparvata lugens* (7,00 a 9,74) e *Plutella xylostella* (6,71 a 8,42), indicando padrão semelhante de carga elétrica das proteínas em pH fisiológico. A variação do ponto isoelétrico pode refletir diferenças na interação com o ambiente subcelular ou com os substratos específicos, o que também reforça a possibilidade de especialização funcional entre as UDP-glicosiltransferases (UGTs) (Bock, 2016).

A predição da localização subcelular apontou a membrana plasmática como o compartimento mais provável para a atuação das UGTs em *Aedes albopictus* (Quadro 1), corroborando estudos anteriores que demonstraram a associação dessas enzimas com membranas celulares, particularmente do retículo endoplasmático e da membrana plasmática (Bock, 2016). Essa localização é consistente com o papel das UGTs na conjugação de xenobióticos e facilita sua atuação em processos de eliminação de compostos tóxicos, ao posicioná-las estrategicamente para a modificação de substratos que entram ou saem da célula.

De forma geral, os resultados obtidos indicam que as UGTs apresentam padrões conservados de propriedades físico-químicas e localização subcelular entre diferentes espécies de insetos, o que sugere uma preservação funcional evolutiva. No entanto, a presença de variações extremas, como o peso molecular de 123,49 kDa, pode indicar eventos mutacionais, como duplicação gênica, fusões ou

inserções, que merecem investigação adicional, inclusive quanto ao impacto funcional dessas variações.

Quadro 1 - IDs, domínios, ponto isoelétrico, peso molecular, tamanho e localização subcelular das UDP-glicosiltransferases (UGTs) candidatas identificadas em *Aedes albopictus*.

ID	Domínios	PI (pH)	Peso Molecular (KDa)	Tamanho (aa)	Localização Subcelular
XP_019525160.2	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	6,825	58,03	513	Membrana Plasmática
XP_019531373.3	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	8,624	59,88	524	Membrana Plasmática
XP_019537577.3	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	8,986	59,27	522	Membrana Plasmática
XP_019537578.3	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	9,676	58,2	520	Mitocôndrias
XP_019539374.3	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	8,966	60,15	523	Membrana Plasmática
XP_019539380.3	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	8,553	59,68	520	Membrana Plasmática

XP_019552762.3	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	9,391	58,30	510	Mitocôndrias
XP_019553698.3	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	8,946	59,39	519	Membrana Plasmática
XP_019554804.3	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	6,409	58,68	520	Membrana Plasmática
XP_019557265.3	GT1_Gtf-like	7,704	59,25	520	Membrana Plasmática
XP_019557267.3	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	8,508	63,09	556	Membrana Plasmática
XP_019557270.3	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	8,719	59,7	518	Citoplasma
XP_019557271.2	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	8,242	60,14	522	Citoplasma
XP_019560415.3	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	9,215	60,62	527	Membrana Plasmática
XP_019562391.3	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	9,433	60,4	528	Membrana Plasmática

XP_019932420.3	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	9,417	59,12	527	Peroxisomo
XP_029708692.2	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	8,37	60,13	522	Membrana Plasmática
XP_029720092.2	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	9,576	58,60	522	Membrana Plasmática
XP_029720168.2	GT1_Gtf-like	7,585	58,60	517	Lisossomo
XP_029720170.2	GT1_Gtf-like	7,585	58,60	517	Lisossomo
XP_029722132.2	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	6,204	59,03	519	Membrana Plasmática
XP_029726333.2	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	9,232	58,18	523	Membrana Plasmática
XP_029726550.2	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	8,963	59,6	519	Membrana Plasmática
XP_029726645.1	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	8,746	59,53	523	Membrana Plasmática
XP_029729225.1	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	8,357	60,68	520	Membrana Plasmática

XP_029731152.2	GT1_Gtf-like	6,458	66,81	601	Membrana Plasmática
XP_029735708.2	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	9,228	59,67	521	Membrana Plasmática
XP_029735709.2	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	9,115	54,93	477	Membrana Plasmática
XP_029736199.1	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	5,688	59,69	525	Membrana Plasmática
XP_029736341.2	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	9,046	59,99	522	Membrana Plasmática
XP_062703700.1	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	7,521	123,49	1073	Membrana Plasmática
XP_062704813.1	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	9,63	63,52	566	Membrana Plasmática
XP_062704883.1	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	7,665	58,83	520	Membrana Plasmática
XP_062705186.1	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	8,931	57,37	512	Membrana Plasmática

XP_062706166.1	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	8,902	61,83	539	Membrana Plasmática
XP_062710048.1	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	8,294	59,57	526	Membrana Plasmática
XP_062710049.1	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	7,789	58,35	514	Membrana Plasmática
XP_062710349.1	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	9,232	58,18	523	Membrana Plasmática
XP_062710990.1	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	8,901	61,76	539	Membrana Plasmática
XP_062710991.1	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	8,967	59,73	517	Membrana Plasmática
XP_062710992.1	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	8,829	59,8	517	Membrana Plasmática
XP_062715302.1	GT1_Gtf-like	7,302	50,80	452	Membrana Plasmática
XP_062715304.1	GT1_Gtf-like	7,302	50,80	452	Membrana Plasmática
XP_062715305.1	GT1_Gtf-like	7,302	50,80	452	Membrana Plasmática

XP_062715306.1	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	7,302	50,80	452	Membrana Plasmática
XP_062715307.1	Glycosyltransferase_GTB-type superfamily	8,66	57,78	510	Membrana Plasmática

Fonte: Pierre (2025).

5.4 Localização cromossômica e estrutura gênica das UDP-glicosiltransferases (UGTs) de *Aedes albopictus*

Todos os três cromossomos de *Aedes albopictus* apresentaram genes UGTs ancorados. Dos trinta e seis genes identificados, dois (*AaIUDP01* e *AaIUDP02*) estão localizados no cromossomo de número um (*Chr1*) e quatro (*AaIUDP33* a *AaIUDP36*) no cromossomo três (*Chr3*). O *Chr2* apresentou maior concentração de genes, totalizando trinta (*AaIUDP03* a *AaIUDP_32*). No *Chr1*, os genes estão posicionados entre os intervalos de 0,1 Mb a 104 Mb aproximadamente. Por sua vez, os genes no *Chr2* estão distribuídos ao longo de toda a extensão do cromossomo, com maior concentração (13 genes) nos intervalos de 0,1 Mb a 120 Mb. No *Chr3*, observa-se que os genes demonstram tendência em ocupar posições nas suas extremidades (Figura 17). Essa distribuição sugere que o *Chr2* pode representar um *hotspot* genômico para a família UGT em *Aedes albopictus*, o que pode refletir eventos de duplicação gênica local ou seleção positiva associada à adaptação metabólica e detoxificação (Bailey *et al.*, 2022).

Distribuições desiguais de genes de detoxificação já foram relatadas em outros dípteros. Em *Drosophila melanogaster* e *Anopheles funestus*, por exemplo, genes UGTs também estão concentrados majoritariamente nos cromossomos 2 e 3 (Chen *et al.*, 2022; Li *et al.*, 2017), o que sugere uma tendência evolutiva comum nesses táxons. No caso específico de *Aedes albopictus*, a ocupação das extremidades no *Chr3* pode indicar regiões propensas a recombinação ou rearranjos genômicos, características que favorecem a expansão gênica (Wang *et al.*, 2021).

A estrutura gênica dos transcritos de UGTs também apresentou grande variação, tanto no comprimento total quanto na composição éxon-íntron. Os

tamanhos dos transcritos variaram de 2 kb (XM_050241553.1) a 35 kb (XM_050245694.1), sendo os íntrons, em geral, maiores que os éxons (Figura 18). Essa característica é comum em genes de detoxificação, que frequentemente apresentam íntrons longos e espaçados, os quais podem facilitar a regulação transcricional complexa e diversificação por splicing alternativo (Keren; Maor; Ast, 2010).

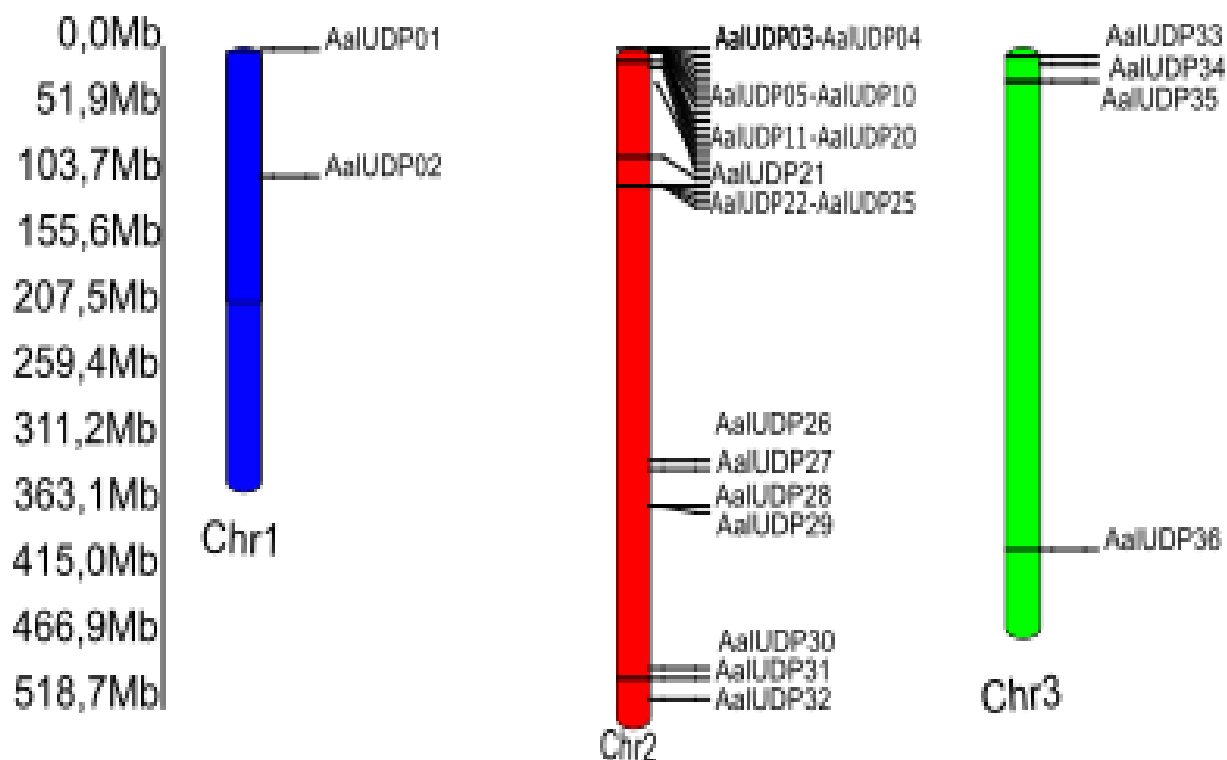
A quantidade de éxons variou de dois (*AalUDP02*, *AalUDP07*, *AalUDP08*, *AalUDP11*, *AalUDP12*, *AalUDP14*, *AalUDP22* e *AalUDP32*) a cinco (*AalUDP35*) (Quadro 3) e é semelhante à observada em outras espécies. Em *Schlechtendalia chinensis*, os genes *UGTs* contêm de 3 a 11 éxons (Wang *et al.*, 2023). Porém, 52 genes *UGTs* apresentaram 4 ou 5 éxons e apenas dois possuíam 11 éxons. Por sua vez, na espécie *D. melanogaster* predominam genes com dois éxons, e apenas um gene (*Ugt50B3*) possui seis. Além disso, dois genes (*Ugt37C1* e *Ugt37C2*) não são interrompidos por íntrons (Li *et al.*, 2017). Essas diferenças estruturais sugerem plasticidade evolutiva da família UGT, refletindo tanto a adaptação a diferentes pressões ambientais quanto a especialização funcional (Ahn; Vogel; Heckel, 2012).

Em *D. melanogaster*, a maioria dos íntrons apresenta tamanhos reduzidos (48 a 584 pb), enquanto alguns genes contêm íntrons muito longos (>8 kb), como observado também em *A. albopictus*. A presença desses íntrons longos pode estar relacionada a funções regulatórias complexas ou a barreiras evolutivas contra recombinação gênica (Chorev ; Carmel, 2012).

A associação entre estrutura gênica, propriedades bioquímicas e agrupamento filogenético observada neste estudo reforça a hipótese de que os genes *UGTs* de *A. albopictus* evoluem de forma coordenada dentro de suas subfamílias. A conservação estrutural dentro de grupos filogenéticos específicos, aliada à diversidade entre subfamílias, indica que processos evolutivos como duplicações em tandem, neofuncionalização e diversificação adaptativa moldaram o repertório atual dessas enzimas (Ahn; Vogel; Heckel, 2012).

Em conjunto, os dados sugerem que a família UGT em *A. albopictus* apresenta não apenas ampla distribuição cromossômica e diversidade estrutural, mas também uma organização compatível com padrões evolutivos observados em outros insetos, refletindo sua importância funcional em processos fisiológicos e possivelmente na resistência a xenobióticos e inseticidas.

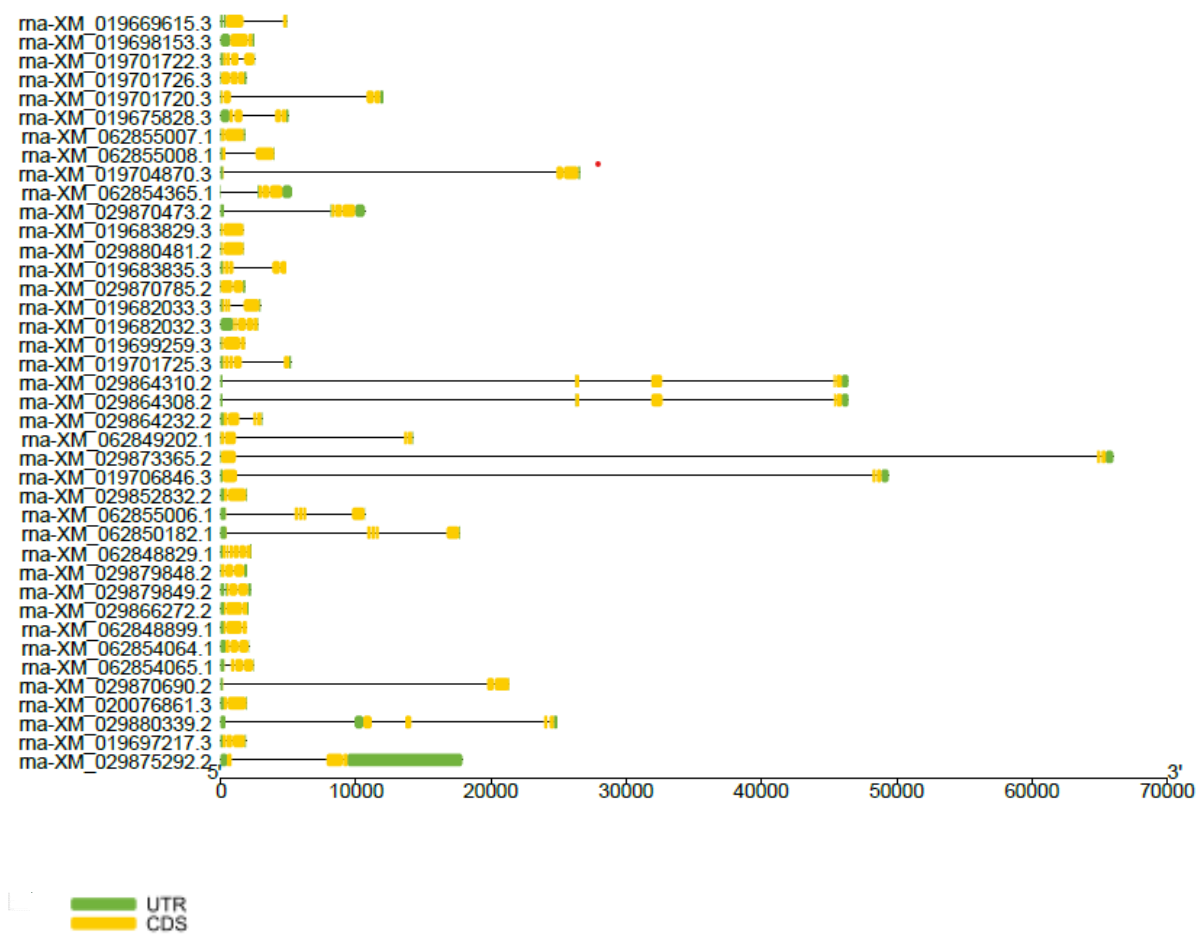
Figura 17 - Localização cromossômica dos prováveis genes que codificam as UDP-glicosiltransferases (UGTs) de *Aedes albopictus*.



Legenda: Chr: Cromossomo.

Fonte: Pierre (2025).

Figura 18 - Estrutura gênica das prováveis UDP-glicosiltransferases (UGTs) identificadas no genoma de *Aedes albopictus*.



Legenda: UTR: Região não-traduzida; CDS: Sequência codificante.

Fonte: Pierre (2025).

OBS: Algumas UGTs foram removidas pelo tamanho distorcido

Quadro 2 - Nome do gene, ID da proteína, ID do transcrito, ID do gene, número total de éxons, número total de transcritos, localização na fita do DNA, localização

cromossômica e início e fim dos genes UDP-glicosiltransferases (UGTs) no genoma *Aedes albopictus*.

Nome do Gene	ID Proteína (NCBI)	ID Transcrito (NCBI)	ID Gene (NCBI)	Nº de Exons	Nº Transcrito	Fita	Chr	Início	Fim
<i>AaUDP01</i>	XP_019525160.2	XM_019669615.3	109397292	3	1	+	1	573297	580031
<i>AaUDP02</i>	XP_019553698.3	XM_019698153.3	109423216	2	1	-	1	2559830	192705105
<i>AaUDP03</i>	XP_019557267.3	XM_019701722.3	109426255	4	1	-	2	60108	62686
<i>AaUDP04</i>	XP_019557271.2	XM_019701726.3	109426260	3	1	+	2	81783	83484
<i>AaUDP05</i>	XP_019557265.3	XM_019701720.3	109426253	4	1	+	2	90387	97862
<i>AaUDP06</i>	XP_019531373.3	XM_019675828.3	109403088	4	1	+	2	164752	167494
<i>AaUDP07</i>	XP_062710991.1	XM_062855007.1	109420539	2	1	-	2	270827	272637
<i>AaUDP08</i>	XP_062710992.1	XM_062855008.1	109417081	2	1	-	2	288653	290076
<i>AaUDP09</i>	XP_019560415.3	XM_019704870.3	109429037	3	1	+	2	396868	412396
<i>AaUDP10.01</i>	XP_062710349.1	XM_062854365.1	109622498	5	2	+	2	1023899	1032154
<i>AaUDP10.02</i>	XP_029726333.2	XM_029870473.2	109622498	5	2	+	2	1023899	1032154
<i>AaUDP11</i>	XP_019539374.3	XM_019683829.	109410283	2	1	-	2	1140966	1142666

		3							
<i>AaIUDP12</i>	XP_0297 36341.2	XM_029 880481. 2	109410284	2	1	-	2	114481 2	114646 2
<i>AaIUDP13</i>	XP_0195 39380.3	XM_019 683835. 3	109410290	5	1	+	2	121231 2	121672 2
<i>AaIUDP14</i>	XP_0297 26645.1	XM_029 870785. 2	109418033	2	1	+	2	178949 9	179120 8
<i>AaIUDP15</i>	XP_0195 37578.3	XM_019 682033. 3	109408672	4	1	-	2	194826 1	195131 5
<i>AaIUDP16</i>	XP_0195 37577.3	XM_019 682032. 3	109408671	5	1	+	2	196011 1	196198 4
<i>AaIUDP17</i>	XP_0195 54804.3	XM_019 699259. 3	109424170	3	1	+	2	241463 6	241662 8
<i>AaIUDP18</i>	XP_0195 57270.3	XM_019 701725. 3	109426259	5	1	+	2	255983 0	256152 5
<i>AaIUDP19</i> .01	XP_0297 20170.2	XM_029 864310. 2	109398287	5	2	+	2	936420 2	941062 5
<i>AaIUDP19</i> .02	XP_0297 20168.2	XM_029 864308. 2	109398287	5	2	+	2	936420 2	941062 5
<i>AaIUDP20</i> .01	XP_0297 20092.2	XM_029 864232. 2	109429550	6	2	+	2	144526 42	144668 67
<i>AaIUDP20</i> .02	XP_0627 05186.1	XM_062 849202. 1	109429550	6	2	+	2	144526 42	144668 67
<i>AaIUDP21</i> .01	XP_0297 29225.1	XM_029 873365. 2	109430774	4	2	+	2	826350 78	827010 76
<i>AaIUDP21</i> .02	XP_0195 62391.3	XM_019 706846. 3	109430774	4	2	+	2	826350 78	827010 76
<i>AaIUDP22</i>	XP_0297 08692.2	XM_029 852832. 2	115255070	2	1	+	2	104446 083	104448 025

<i>AalUDP23</i>	XP_0627 03700.1	XM_062 847716. 1	115255069	8	1	+	2	104533 534	104543 440
<i>AalUDP24</i>	XP_0627 10990.1	XM_062 855006. 1	134289022	5	1	+	2	104619 877	104630 553
<i>AalUDP25</i>	XP_0627 06166.1	XM_062 850182. 1	109420537	5	1	+	2	104738 452	104756 135
<i>AalUDP26</i>	XP_0627 04813.1	XM_062 848829. 1	109405606	6	1	+	2	314689 320	314691 556
<i>AalUDP27</i> .01	XP_0297 35708.2	XM_029 879848. 2	109408691	4	2	+	2	321772 443	321774 700
<i>AalUDP27</i> .02	XP_0297 35709.2	XM_029 879849. 2	109408691	4	2	+	2	321772 443	321774 700
<i>AalUDP28</i>	XP_0297 22132.2	XM_029 866272. 2	109430808	3	1	+	2	349325 998	349328 058
<i>AalUDP29</i>	XP_0627 04883.1	XM_062 848899. 1	134283951	3	1	+	2	349338 468	349340 400
<i>AalUDP30</i> .01	XP_0627 10049.1	XM_062 854064. 1	115256927	4	2	+	2	473116 919	473119 354
<i>AalUDP30</i> .02	XP_0627 10048.1	XM_062 854065. 1	115256927	4	2	+	2	473116 919	473119 354
<i>AalUDP31</i>	XP_0297 26550.2	XM_029 870690. 2	109429036	3	1	+	2	481376 164	481397 513
<i>AalUDP32</i>	XP_0199 32420.3	XM_020 076861. 3	109622501	2	1	+	2	497372 295	497374 254
<i>AalUDP33</i>	XP_0297 36199.1	XM_029 880339. 2	109429175	5	1	+	3	571101 9	573848 8
<i>AalUDP34</i>	XP_0195 52762.3	XM_019 697217. 3	109422421	3	1	+	3	118602 22	118620 06
<i>AalUDP35</i>	XP_0627	XM_062	109418392	9	5	+	3	243162	250562

.01	15307.1	859323. 1						00	32
<i>AaIUDP35</i> .02	XP_0627 15306.1	XM_062 859322. 1	109418392	9	5	+	3	243162 00	250562 32
<i>AaIUDP35</i> .03	XP_0627 15305.1	XM_062 859321. 1	109418392	9	5	+	3	243162 00	250562 32
<i>AaIUDP35</i> .04	XP_0627 15304.1	XM_062 859320. 1	109418392	9	5	+	3	243162 00	250562 32
<i>AaIUDP35</i> .05	XP_0627 15302.1	XM_062 859318. 1	109418392	9	5	+	3	243162 00	250562 32
<i>AaIUDP.3</i> 6	XP_0297 31152.2	XM_029 875292. 2	115267827	3	1	+	3	382747 979	382765 849

Legenda: Chr: Cromossomo; (-) fita negativa; (+) fita positiva.

Fonte: Diniz (2025).

7 CONCLUSÕES

- No genoma de *Aedes albopictus* foram identificadas 36 sequências gênicas que provavelmente codificam UDP-glicosiltransferases (UGTs) e 46 sequências proteicas candidatas em seu proteoma, incluindo isoformas.
- A análise *in silico* das sequências proteicas das UGTs candidatas de *Aedes albopictus* confirmou a presença do domínio Glycosyltransferase_GTB-type superfamily conservado.
- A maioria das UGTs identificadas apresentou peso molecular em torno de 60 kDa, assim como localização subcelular na membrana plasmática e outros parâmetros físico-químicos característicos dessas enzimas.
- As UGTs de *Aedes albopictus* mostraram motivos e estrutura gênica conservados dentro de uma mesma subfamília, mas diferentes entre os membros de diferentes subfamílias, o que reflete suas diferentes funções.
- Todos os genes que codificam UGTs estão localizados de modo assimétrico entre os três cromossomos, com concentração no cromossomo 2.
- Esse trabalho realizou a primeira análise abrangente das UGTs em *Aedes albopictus*. Esses resultados fornecem informações relevantes para análises moleculares funcionais futuras, como entender melhor qual o papel dessas enzimas e sua importância para a metabolização de substâncias exógenas e endógenas.

REFERÊNCIAS

Agência Fiocruz. Disponível em <
<https://agencia.fiocruz.br/pesquisa-compara-metodos-para-medir-infestacao-por-aegypti>> Acesso em : 23/08/2025

AHN, S.J. *et al.* **Metabolic detoxification of capsaicin by UDP-glycosyltransferase in three *Helicoverpa* species.** *Archives of Insect Biochemistry and Physiology*, v. 78, n. 2, p. 104–118, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1002/arch.20444>.

Ahn, S. J. *et al.* **Bacterial origin of a diverse family of UDP-glycosyltransferase genes in the *Tetranychus urticae* genome.** *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 50, 43–57, 2014. DOI: 10.1016/j.ibmb.2014.04.003

AHN, S. J.; VOGEL, H.; HECKEL, D. G. **Comparative analysis of the UDP-glycosyltransferase multigene family in insects.** *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, v. 42, n. 2, p. 133–147, fev. 2012. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ibmb.2011.11.006>.

Ahn, S. J.; Marygold, S. J. **The UDP-Glycosyltransferase Family in *Drosophila melanogaster*: Nomenclature Update, Gene Expression and Phylogenetic Analysis.** *Frontiers in Physiology*. v. 12, 648481, 2021.

ANGOTTI, A. A. *et al.* **Rapid review: effectiveness of the Wolbachia strategy for arbovirus control.** *Revista Panamericana de Salud Pública*, v. 48, e98, 15 out. 2024. DOI: <https://doi.org/10.26633/RPSP.2024.98>.

Anoopkumar, A.N. *et al.* **'Life cycle, bio-ecology and DNA barcoding of mosquitoes *Aedes aegypti* (Linnaeus) and *Aedes albopictus* (Skuse)',** *Journal of Communicable Diseases*, 49(3), pp. 32–41, 2017. DOI: <https://doi.org/10.24321/0019.5138.201719>.

Al-Yazeedi, T. *et al.* **Overexpression and nonsynonymous mutations of UDP-glycosyltransferases are potentially associated with pyrethroid resistance in *Anopheles funestus*.** *Genomics*. 116, 2, 110798, 2024. DOI: 10.1016/j.ygeno.2024.110798.

BAILEY, E. *et al.* **A near-chromosome level genome assembly of the European hoverfly, *Sphaerophoria rueppellii* (Diptera: Syrphidae), provides comparative insights into insecticide resistance-related gene family evolution.** *BMC Genomics*, v. 23, n. 1, p. 198, 12 mar. 2022. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12864-022-08436-5>. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC8917705>.

Bailey, T.L. *et al.* **The MEME Suite.** *Nucleic Acids Research*. v. 43, p. 39-49, 2015.

BACCI, L. *et al.* **A review of Spinosyns, a derivative of biological acting substances as a class of insecticides with a broad range of action against many insect pests.** *Journal of Entomological and Acarological Research*, v. 48, n. 1, p. 40–52, 2016. DOI: <https://doi.org/10.4081/jear.2016.5653>.

Barros, A. J. de *et al.* **A review of dengue virus and its vectors**. Research, Society and Development, [S. l.], v. 10, n. 10, p. e289101018733, 2021. DOI: 10.33448/rsd-v10i10.18733.

BioDiversity4ALL.2024. Disponível em < <https://www.biodiversity4all.org/taxa/59115-Gambusia-affinis>> Acesso em : 23/08/2025

Braga, I.A; Valle, D. **Aedes aegypti: inseticidas, mecanismos de ação e resistência**. Epidemiol. Serv. Saúde, Brasília , v. 16, n. 4, p. 179-293, dez. 2007. Doi: <http://dx.doi.org/10.5123/S1679-49742007000400006>.

BRITO, M. de; FORATTINI, O. P. **Produtividade de criadouros de Aedes albopictus no Vale do Paraíba, SP, Brasil**. Revista de Saúde Pública, v. 38, n. 2, p. 209–215, abr. 2004. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0034-89102004000200009>.

Biblioteca Virtual em Saúde do Ministério da Saúde. Disponível em < <https://bvms.saude.gov.br/?p=1938#!> > Acesso em:23/08/2025

Bock K. W. **The UDP-glycosyltransferase (UGT) superfamily expressed in-humans, insects and plants: animal-plant arms-race and co-evolution**. Biochem. Pharmacol. 99, 11–17, 2016. DOI: 10.1016/j.bcp.2015.10.001.

BOUYER, J.; MAROIS, E. **Genetic control of vectors**. In: GARROS, C.; BOUYER, J.; TAKKEN, W.; SMALLEGANGE, R. C. (Ed.). **Pests and vector-borne diseases in the livestock industry**. Wageningen: Wageningen Academic Publishers, 2018. p. 435–451.

CHEN, X. *et al.* **Genome sequence of the Asian Tiger mosquito, Aedes albopictus, reveals insights into its biology, genetics, and evolution**. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, v. 112, n. 44, p. E5907–E5915, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.1516410112>.

Chen, C. *et al.* **TBtools-II: A “one for all, all for one” bioinformatics platform for biological big-data mining**. Molecular Plant. v. 16, n. 11, p. 1733-1742, 2023.

CDC. Disponível em < <https://www.cdc.gov/mosquitoes/about/life-cycle-of-aedes-mosquitoes.html> Acesso em: 23/08/2025

Centro Europeu de Controle de Doenças. Disponível em:< <https://www.ecdc.europa.eu/en/chikungunya-monthly>>; Acesso em: 11/03/2025.

CHOREV, M.; CARMEL, L. **The function of introns**. Frontiers in Genetics, v. 3, p. 55, 2012. DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2012.00055>.

Comitê de Nomenclatura UGT .Disponível em < <https://labs.wsu.edu/ugt/> > Acesso em; 23/08/2025

CONSELHO REGIONAL DE ENFERMAGEM DE SANTA CATARINA (COREN-SC).. Disponível em <
<https://www.corensc.gov.br/23-dos-criadouros-do-aedes-estao-nas-residencias-saiba-como-mante-las-livre-do-mosquito/> > Acesso em : 23/08/2025

Dang, K. *et al.* **Insecticide resistance and resistance mechanisms in bed bugs, *Cimex spp.* (Hemiptera: Cimicidae).** Parasites Vectors 10, 318, 2017.
<https://doi.org/10.1186/s13071-017-2232-3>

D'AMATO, C.; TORRES, J. P. M.; MALM, O.. **DDT (dicloro difenil tricloroetano): toxicidade e contaminação ambiental** - uma revisão. Química Nova, v. 25, n. 6a, p. 995–1002, nov. 2002.

Footitt, R. G.; Adler, P. H. **Insect biodiversity: Science and society.** Chichester, England: Wiley-Blackwell, 2009. 632p.

Família SBIM . Disponível em <
<https://familia.sbim.org.br/component/content/article?id=128:vacina-dengue> > Acesso em : 23/08/2025

Ferramenta Galaxy Disponível em < (<https://usegalaxy.org/>) > Acesso em : 23/08/2025

Forattini, O. P. *et al.* **Comportamento de *Aedes albopictus* e de *Ae. scapularis* adultos (Diptera: Culicidae) no Sudeste do Brasil.** Revista de Saúde Pública, v. 34, n. 5, p. 461–467, . 2000.

G1. Disponível em<
<https://g1.globo.com/saude/noticia/2024/01/30/dengue-sintomas-da-doenca-cuidados-como-evitar-e-vacina-disponivel.ghtml>> Acesso em : 23/08/2025

GUO, L. *et al.* **Genome-wide identification and expression analysis of UDP-glucuronosyltransferases in the whitefly *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae).** International Journal of Molecular Sciences, v. 21, n. 22, p. 8492, 11 nov. 2020. DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms21228492>.

Gomes, A. de C. *et al.* **Duração das fases de desenvolvimento larval e pupal de *Aedes albopictus* em recipientes naturais e artificiais.** Revista de Saúde Pública , v. 1, pág. 15–19, 1995.

Gunara, N.P.; Joelianto, E. ; Ahmad, I. **Identification of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* eggs based on image processing and elliptic fourier analysis.** Sci Rep 13, 17395,2023 . <https://doi.org/10.1038/s41598-023-28510-6>

Hall, T.A. **BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT.** Nucleic Acids Symposium Series, v. 41, p. 95-98, 1999.

- He, H; Crabbe, MJC; Ren, Z. **Detoxification Gene Families at the Genome-Wide Level of Rhus Gall Aphid *Schlechtendalia chinensis***. Genes (Basel), 2022 10;13(9):1627. doi: 10.3390/genes13091627.
- Hiller, K. *et al.* **JVirGel 2.0: Computational prediction of proteomes separated via two dimensional gel electrophoresis under consideration of membrane and secreted proteins**. Bioinformatics v. 22, p. 2441-2443, 2006.
- Higa, Y. **Dengue Vectors and their Spatial Distribution**. Trop. Med. Health. 39, 4, 17-27, 2011. DOI: 10.2149/tmh.2011-S04.
- HOPKINS, T. L.; AHMAD, S. A. **Flavonoid wing pigments in grasshoppers**. Experientia, v. 47, p. 1089–1091, 1991. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF01923349>.
- Hu, B. *et al.* **The expression of *Spodoptera exigua* P450 and UGT genes: tissue specificity and response to insecticides** Insect Science, v. 26, n. 2, p. 199–21, 2019
- Huang, F.F. *et al.* **The UDP-glucosyltransferase multigene family in *Bombyx mori***. BMC Genomics. 9, 563, 2008. DOI: 10.1186/1471-2164-9-563.
- IRAC. Disponível em <<https://www.irac-br.org/single-post/press%C3%A3o-de-sele%C3%A7%C3%A3o-x-resist%C3%A2ncia-aos-inseticidas>> Acesso em : 23/08/2025
- Jornal da USP. Disponível em <<https://jornal.usp.br/ciencias/nova-abordagem-com-edicao-genetica-tem-potencial-para-controle-de-vetores-de-infeccoes/>> Acesso em : 23/08/2025
- Keren, H.; Lev-Maor, G. ; Ast, G. **Alternative splicing and evolution: diversification, exon definition and function**. Nat Rev Genet 11, 345–355, 2010 . <https://doi.org/10.1038/nrg2776>
- Kraemer, M. U. *et al.* **The global distribution of the arbovirus vectors *Aedes aegypti* and *Ae. albopictus***. Elife. 4, e08347, 2015. DOI: 10.7554/eLife.08347.
- Kumar, S. *et al.* **MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms**. Molecular Biology and Evolution v. 35, p. 1547, 2018.
- Laporta, G. Z. *et al.* **Global Distribution of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* in a Climate Change Scenario of Regional Rivalry**. Insects, 14, 49, 2023.
- Li, X. *et al.* **Over-expression of UDP-glycosyltransferase gene UGT2B17 is involved in chlorantraniliprole resistance in *Plutella xylostella* (L.)**. Pest Manag Sci. 73, 7,1402-1409, 2017. DOI: 10.1002/ps.4469.
- Maselko, M. *et al.* **Engineering multiple species-like genetic incompatibilities in insects**. Nat Commun 11, 4468 , 2020. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41467-020-18348-1>

Martins. *et al.* **Primeiro registro de *Aedes (Stegomyia) albopictus* no Estado do Ceará, Brasil.** Revista De Saúde Pública, 40(4), 737–739, 2006. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0034-89102006000500027>

Ministério da Saúde 2022 , Disponível em < <http://plataforma.saude.gov.br/anomalias-congenitas/guia-vigilancia-saude-5ed-rev-atual.pdf> >

Ministério da Saúde. Disponível em:<<https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/a/aedes-aegypti>>; Acesso em: 24/02/2025

Ministério da Saúde. Disponível em< <https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/c/chikungunya>>; Acesso em: 11/03/2025

Ministério da Saúde. Disponível em: <<https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/d/dengue>> Acesso em: 24/02/2025

Ministério da Saúde. Disponível em: <<https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/d/zika-virus>> Acesso em: 11/03/2025

Ministério da Saúde. Disponível em:
<<https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/noticias/2024/novembro/brasil-celebra-10-anos-do-metodo-wolbachia-de-controle-da-dengue#:~:text=O%20m%C3%A9todo%20Wolbachia%20utiliza%20uma,v%C3%ADrus%20que%20causam%20essas%20doen%C3%A7as>> Acesso em : 23/08/2025

Noronha, L. F. *et al.* **Avaliação da ocorrência do *Aedes aegypti* E *Aedes albopictus* no município de Coromandel-MG.** Minas Gerais. Getec, 6, 14, 149-158, 2017.

NCBI. Disponível em <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>> Acesso em : 23/08/2025

OPAS. Disponível em < <https://www.paho.org/pt/topicos/dengue> > Acesso em : 23/08/2025

Painel de Monitoramento das Arboviroses, 2025. Disponível em < <https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/a/aedes-aegypti/monitoramento-das-arboviroses> > Acesso em : 23/08/2025

Painel de Monitoramento das Arboviroses, 2025. Disponível em < <https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/a/aedes-aegypti/monitoramento-das-arboviroses> >
Acesso em : 23/08/2025

Pereira, M; Moura, C. J. M. de. **Understanding some mechanisms of resistance to insecticides having an example of the green peach aphid *Myzus persicae* (SULZER, 1776) (HEMIPTERA: APHIDIDAE).** Brazilian Journal of Development, 7(1), 6813–6839. <https://doi.org/10.34117/bjdv7n1-461>, 2021

POLANCZYK, R. A.; GARCIA, M. de O.; ALVES, S. B. **Potencial de *Bacillus thuringiensis israelensis* Berliner no controle de *Aedes aegypti***. Revista de Saúde Pública, v. 37, n. 6, p. 813–816, dez. 2003. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0034-89102003000600020>.

rscb.org. Disponível em < <https://www.rscb.org/structure/5U6M> Acesso em : 23/08/2025

Rey Luis. **Parasitologia: parasitos e doenças parasitárias do homem nos trópicos ocidentais**. 4ª ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2013.

Silva, V. C. DA. *et al.*. **Diversidade de criadouros e tipos de imóveis freqüentados por *Aedes albopictus* e *Aedes aegypti***. Revista de Saúde Pública, v. 40, n. 6, p. 1106–1111, 2006.

Swan, T. *et al.* **A literature review of dispersal pathways of *Aedes albopictus* across different spatial scales: implications for vector surveillance**. Parasites Vectors 15, 303 ,2022 . DOI: <https://doi.org/10.1186/s13071-022-05413-5>

Thompson, J.D. *et al.* **The Clustal_X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools**. Nucleic Acids Research, v. 25, p. 4876- 4882, 1997.

Uemura, N. *et al.* **Recent advances in the study of knockdown resistance mutations in *Aedes* mosquitoes with a focus on several remarkable mutations**. Curr Opin Insect Sci 2024, 63:101178, <https://doi.org/10.1016/j.cois.2024.101178>

Viana , J. L. *et al.*. **Isolates of *Bacillus thuringiensis* from Maranhão biomes with potential insecticidal action against *Aedes aegypti* larvae (Diptera, Culicidae)**. Brazilian Journal of Biology, v. 81, n. 1, p. 114–124, fev. 2021.

Vigilância e Controle de Vetor. Disponível em < <https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/a/aedes-aegypti/vigilancia-entomologica> > Acesso em : 23/08/2025

Wang, F. *et al.* **Genome-Wide Analysis of the UGT Gene Family and Identification of Flavonoids in *Broussonetia papyrifera***. Molecules. 2021 Jun 6;26(11):3449. doi: 10.3390/molecules26113449. PMID: 34204142; PMCID: PMC8200958.

Washington University. Disponível em <<https://source.washu.edu/2014/10/hot-on-the-trail-of-the-asian-tiger-mosquito/>> Acesso em :23/08/2025

Wilke, A. B. B. *et al.*. **Controle de vetores utilizando mosquitos geneticamente modificados**. Revista de Saúde Pública, v. 43, n. 5, p. 869–874, 2009.

WIESEN, B. *et al.* **Sequestration of host-plant-derived flavonoids by Lycaenid butterfly *Polyommatus icarus***. Journal of Chemical Ecology, v. 20, p. 2523–2538, 1978. DOI: [https://doi.org/10.1016/s0305-1978\(01\)00036-9](https://doi.org/10.1016/s0305-1978(01)00036-9).

Wermellinger, E. D ; FERREIRA, A.P. **Métodos de controle de insetos vetores: um estudo das classificações**. Rev Pan-Amaz Saude. 2013, vol.4, n.3, pp.49-54. ISSN 2176-6215. DOI:/10.5123/S2176-62232013000300007.

Ying, Yan. *et al* **CRISPR-based genetic control strategies for insect pests**. Journal of Integrative Agriculture, v. 22, n. 3, p. 651–668, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jia.2022.11.003>.

Yu, C.S. *et al*. **Prediction of protein subcellular localization**. Proteins: Structure, Function and Bioinformatics. v. 64, p. 643-651, 2006.

Zheng, X. *et al*. **Genome-wide identification and expression patterns of uridine diphosphate (UDP)-glycosyltransferase genes in the brown planthopper, *Nilaparvata lugens***. Comparative Biochemistry and Physiology Part D: Genomics and Proteomics, v. 54, p. 101403, jun. 2025. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cbd.2024.101403>.

Zhou, Y. *et al*. **UDP-glycosyltransferase genes and their association and mutations associated with pyrethroid resistance in *Anopheles sinensis* (Diptera: Culicidae)**. Malaria Journal, v. 18, n. 1, p. 62, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12936-019-2705-2>.