

Resumo

Os escolopendromorfos são artrópodes venenosos, responsáveis por um significativo número de acidentes com humanos, ainda que não letais. Apesar disso, informações sobre a composição e atividades biológicas dos venenos desses animais são bastante escassas. No presente estudo, foi empregada uma abordagem proteômica ‘*bottom-up*’ combinando 2D-LC, ESI-Q-TOF/MS, seqüenciamento *N*-terminal e procuras por similaridades, para melhor entender as complexidades dos venenos de duas espécies de escolopendromorfos brasileiros: *Scolopendra viridicornis nigra* e *Scolopendra angulata*. Comparações entre os perfis de LC e composição de massas moleculares são apresentadas. Ainda, as seqüências *N*-terminais de dez famílias de peptídeos ou proteínas foram determinadas com sucesso. Entretanto, nove das dez famílias de peptídeos, cujas seqüências *N*-terminais foram determinadas, não apresentaram quaisquer similaridades com outras seqüências depositadas no banco de dados do Swiss-Prot. Uma prospecção de atividades inseticidas em frações do veneno de *S. viridicornis nigra* também foi realizada. Seis das 12 frações testadas foram responsáveis por claros efeitos tóxicos sobre moscas domésticas. Este trabalho demonstra que os venenos de escolopendromorfos são uma fonte latente para a descoberta de novas moléculas com potencial aplicação biotecnológica.