



B023

ANÁLISE DO GENOMA MITOCONDRIAL DA MOSCA-DOS-CHIFRES *HAEMATOBIA IRRITANS* (DIPTERA: MUSCIDAE): ESTRATÉGIAS DE AMPLIFICAÇÃO E SEQUENCIAMENTO BASEADAS NA REAÇÃO DE “LONG-PCR”

Joan Grande Barau (Bolsista PROFIX/CNPq), Profa. Dra. Ana M. L. de Azeredo-Espin (Coordenadora) e Dra. Ana Cláudia Lessinger (Orientadora PROFIX/CNPq), Centro de Biologia Molecular e Engenharia Genética - CBMEG, UNICAMP

A amplificação de genomas mitocondriais completos utilizando-se apenas uma (“1-step”) ou duas (“2-steps”) reações de PCR de longa extensão (“Long-PCR”) tem sido amplamente empregada na atual mitogenômica. Neste estudo abordamos a construção de “primers” e estratégias de amplificação via “Long-PCR” e sua aplicação para o sequenciamento do genoma mitocondrial da mosca-dos-chifres, *Haematobia irritans*. A recuperação do genoma mitocondrial completo desta espécie através da reação “2-steps” gerou “amplicons” de 8.5 e 9.1 Kb, com sobreposição de 1.5 Kb. Esta estratégia “2-steps” foi também eficiente para a amplificação do fragmento de 9.1 Kb do genoma mitocondrial de outros dípteros de importância médica e veterinária, incluindo as espécies *Musca domestica* (Muscidae), *Cochliomyia hominivorax*, *Chrysomya megacephala* e *Chrysomya putoria* (Calliphoridae), demonstrando o potencial estratégico desta abordagem na caracterização de genomas mitocondriais em outras espécies. A análise de marcadores moleculares associada à amplificação via “Long-PCR” está sendo conduzida para verificar a eficiência desta estratégia em estudos de caracterização da variabilidade genética no genoma mitocondrial da mosca-dos-chifres.

Long-PCR - Genoma mitocondrial - Sequenciamento