



B022

CARACTERIZAÇÃO DA ORDEM GÊNICA DE “TRNAS” NO DNA MITOCONDRIAL DA MOSCA-DOS-CHIFRES, *HAEMATOBIA IRRITANS* (DIPTERA: MUSCIDAE)

Cristina Feix de Abreu (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

O DNA mitocondrial animal (DNAm_t) muitas vezes apresenta-se como um genoma conservado em conteúdo e ordem gênicos. Porém, rearranjos envolvendo genes de RNAs transportadores (tRNAs) têm sido freqüentemente descritos no genoma mitocondrial de artrópodos. Este trabalho trata do seqüenciamento e análise da ordem gênica de três regiões do DNAm_t da espécie *Haematobia irritans* potencialmente associadas a rearranjos em insetos, correspondendo ao seguinte conteúdo gênico: I) tRNA^{Met}, ND2, tRNA^{Cys}, tRNA^{Tyr} e COI; II) COIII, ATPase6, ATPase8, tRNA^{Asp}, tRNA^{Lys} e COII e III) Cyt.b, ND6, tRNA^{Pro}, tRNA^{Thr}, ND4L e ND4. Verificou-se que o tamanho e a ordem gênica das regiões-alvo de *H. irritans* são mantidos em relação ao genoma mitocondrial de *Drosophila*. Análises comparativas das regiões homólogas de *Stomoxys calcitrans* (mosca-dos-estábulo) e *Musca domestica* (mosca doméstica), indicam que o tamanho destas regiões equivale ao obtido em *H. irritans*, exceto para região I de *S. calcitrans*, cuja caracterização estrutural está em andamento. Estudos visando a caracterização estrutural do DNAm_t têm contribuído para ampliar o conhecimento relativo à diversidade deste genoma e sua evolução.

Haematobia irritans - DNA mitocondrial - Ordem gênica