



B183

ANÁLISES DE REGIÕES ESPECÍFICAS DO DNAMT DA MOSCA-DOS-CHIFRES (MUSCIDAE)

Marcos Túlio de Oliveira (Bolsista CNPq), Profa. Dra. Ana Maria Lima de Azeredo-Espin (Coordenadora) e Profa. Dra. Ana Cláudia Lessinger (Orientadora), Centro de Biologia Molecular e Engenharia Genética - CBMEG, UNICAMP

Para Muscidae, poucas sequências de DNA mitocondrial (DNAMt) estão registradas, apesar da ocorrência de muitas espécies de importância médica, veterinária, econômica e ecológica nesta família. Análises da estrutura e evolução de regiões do DNAMt tem contribuído para a identificação de marcadores moleculares. O sequenciamento e a caracterização do gene COI e da região controle de replicação (RC) do DNAMt da mosca-dos-chifres, *Haematobia irritans* (Diptera: Muscidae), são tratados neste trabalho. A RC tem aproximadamente 1200pb e localiza-se entre os genes RNAr 12S e RNAt^{lle}. O gene 12S e o “cluster” de genes RNAt (IQM) também foram sequenciados e comparados com regiões homólogas em Diptera, identificando 50 substituições no gene 12S e 10 nas sequências de RNAts. Na RC de *H.irritans*, foram identificados elementos conservados descritos para moscas causadoras de miíases. Sequências de COI foram comparadas com outras espécies de Muscoidea, mostrando 80 substituições e predominância de transversões A↔T. Os 5 aminoácidos divergentes encontrados entre *H.irritans* e *M.domestica* concordam com o modelo de evolução estrutural sugerido para a proteína COI de insetos, utilizada para inferir filogenias neste grupo. Este estudo pode fornecer dados informativos para futuras investigações sobre populações, evolução e manejo de pestes desta importante praga.

Mosca-dos-chifres – DNAMt – Evolução Molecular