



B0236

CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DO ITS2 DO rDNA EM MOSCAS CAUSADORAS DE MIÍASES (DIPTERA: CALLIPHORIDAE): IMPLICAÇÕES PARA ANÁLISES GENÉTICO-EVOLUTIVAS

M. A. T. Marinho (Bolsista FAPESP), A. C. M. Junqueira e Profa. Dra. Ana Maria Lima de Azeredo-Espin (Orientadora), Instituto de Biologia - IB, UNICAMP

O segundo espaçador transcrito interno (ITS2) do rDNA é uma seqüência pequena localizada entre as subunidades 5,8S e 28S. Diversas características do ITS2, como a aquisição de uma estrutura secundária necessária para o processamento do rRNA e a alta taxa de substituições, fazem com que esta região possua grande potencial como marcador molecular, sobretudo em análises genético-evolutivas. A família Calliphoridae compreende dípteros de interesse médico, sanitário, econômico e forense por englobar indivíduos causadores de miíases. Assim, a caracterização molecular do ITS2 para esta família contribuirá com os estudos evolutivos e de diagnóstico espécie-específico conduzidos com o grupo. No total, 19 espécies de califorídeos tiveram seu ITS2 seqüenciado, além de seqüências disponíveis no GenBank que foram incorporadas às análises. As seqüências apresentaram um polimorfismo de comprimento, variando de 291pb para *M. peregrina* a 351pb para *Co. hominivorax*. Um elevado conteúdo A+T (79,0-82,9%) foi encontrado, consistindo em uma característica peculiar do rDNA de dípteros. A predição da estrutura secundária foi baseada em modelos termodinâmicos e realizada com o programa mfold. As estruturas obtidas corroboram o modelo de quatro domínios descrito em eucariotos e para *D. melanogaster*. Os resultados obtidos contribuirão com futuros estudos genético-evolutivos para o filo Arthropoda.

Calliphoridae - ITS2 - Marcador molecular