



B0084

MITOGENÔMICA DO CLADO SCHIZOPHORA (DIPTERA: BRACHYCERA): DESAFIOS, TÉCNICAS E PERSPECTIVAS PARA A FILOGENIA MOLECULAR

Daniel Fernando Paulo (Bolsista FAPESP), Ana Maria Lima de Azeredo-Espin e Profa. Dra. Ana Carolina Martins Junqueira (Orientadora), Centro de Biologia Molecular e Engenharia Genética - CBMEG, UNICAMP

A subordem Brachycera é uma das mais diversas em Holometabola, compreendendo o clado Schizophora, que é uma das maiores radiações de insetos e possui a maior diversidade de famílias em Diptera. Embora a monofilia de Schizophora seja suportada, as relações evolutivas de seus grupos basais são obscuras. O DNA mitocondrial (mtDNA) é um dos marcadores moleculares mais empregados em estudos evolutivos de insetos, no entanto, seu acesso pode ser limitado quando somente espécimes pequenos e/ou preservados estão disponíveis. Neste trabalho, apresentamos a rápida amplificação do mtDNA completo em dois fragmentos gerados por long-PCR, usando extrações de músculos torácicos e patas de espécimes preservados e frescos do clado Schizophora. O mtDNA de 22 espécies foi amplificado com sucesso, das quais 14 representam o subgrupo Calyptratae, compreendendo duas das suas três superfamílias. As espécies restantes compreendem as superfamílias Lauxanioidea, Sciomyzoidea e Ephydroidea do subgrupo Acalyptratae. Os resultados indicam um alto rendimento dos amplicons, gerando quantidades apropriadas para serem empregadas no pirosequenciamento massivo e paralelo dos genomas mitocondriais completos. Com a combinação destas técnicas, será possível utilizar um maior número de caracteres moleculares em estudo evolutivos de Diptera num contexto mitogenômico.

Schizophora - Long-PCR - Mitogenômica