

B034

PADRONIZAÇÃO DA TÉCNICA DE LONG-PCR PARA O SEQUENCIAMENTO DO GENOMA MITOCONDRIAL DA MOSCA-DOS-CHIFRES, *HAEMATOBIA IRRITANS* (DIPTERA: MUSCIDAE)

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

A informação contida no DNA mitocondrial (DNAm_t) tem sido utilizada em estudos de evolução molecular, análises filogenéticas e no desenvolvimento de marcadores moleculares para estudos populacionais. O sequenciamento de genomas mitocondriais (mitogenômica) também promove a compreensão da sua diversidade estrutural (ocorrência de rearranjos e duplicações gênicas) e dos mecanismos evolutivos geradores desta diversidade. A técnica de long-PCR permite a amplificação enzimática *in vitro* da totalidade do genoma mitocondrial e têm sido utilizada para purificar DNAm_t para a construção de bibliotecas genômicas via "shotgun". Neste estudo apresentamos a padronização do long-PCR para a amplificação e posterior sequenciamento do genoma mitocondrial da mosca-dos-chifres, *Haematobia irritans*, um ectoparasita bovino de ampla distribuição mundial responsável por prejuízos à indústria pecuária. Através da identificação de regiões conservadas do gene rRNA 16S em Diptera, foram construídos 4 "primers" (H16SA, H16SB, H16SC e H16SCR) utilizados para a amplificação de todo DNAm_t da mosca-dos-chifres (~16Kb) em dois produtos distintos de 8Kb e 9.2Kb. A reação de long-PCR padronizada para a mosca-dos-chifres foi também eficiente na amplificação dos genomas mitocondriais de outras 11 espécies de importância médico-veterinária das famílias Calliphoridae (7), Muscidae (3) e Oestridae (1), revelando o potencial desta estratégia na mitogenômica em Calyptratae (Diptera).

Genômica Mitocondrial - Mosca-dos-chifres - LongPCR