

034

SEQUÊNCIAS RELACIONADAS AO ELEMENTO TRANSPONÍVEL HOBO NO SUBGRUPO WILLISTONI DE DROSOPHILA. Luis Fernando Marin da Fonte, Fabiano Pimentel Torres, Vera Lucia da Silva Valente Gaiety (orient.) (UFRGS).

Elementos transponíveis são seqüências de DNA capazes de mobilização e replicação dentro dos genomas, sendo apontados como geradores de variabilidade. Elementos *hobo* se encontram no genoma de *Drosophila* sob três formas: cópias completas, cópias internamente deletadas e seqüências relacionadas a *hobo*. Elementos completos possuem aproximadamente 3kb de tamanho, têm curtas repetições terminais invertidas de 12pb e possuem um gene que codifica uma transposase. Cópias internamente deletadas possuem uma grande deleção na parte central do elemento, mas conservam as extremidades inalteradas. Seqüências relacionadas a *hobo* têm rearranjos mais complexos, incluindo inserções e deleções, podendo apresentar de 10 a 20% de divergência nucleotídica em relação ao elemento completo. *Drosophila* é um gênero muito diversificado, possuindo mais de 1400 espécies. Segundo a literatura, elementos *hobo* apresentam uma distribuição muito restrita dentro deste gênero, estando presentes apenas nos subgrupos *melanogaster* e *montium*. No entanto, recentes estudos em nosso laboratório através de Southern blot e amplificação por PCR, encontraram evidências de seqüências relacionadas a *hobo* em outro subgrupo - *willistoni*. Por ser constituído por espécies crípticas e por apresentar uma distribuição geográfica essencialmente neotropical, o subgrupo *willistoni* é um excelente material para a realização de estudos evolutivos, inclusive com elementos transponíveis. O objetivo deste trabalho é investigar possíveis seqüências relacionadas ao elemento *hobo* dentro do subgrupo *willistoni*. Por PCR, utilizando primers específicos para este elemento, obtivemos amplificação em *Drosophila paulistorum*, *D. tropicalis* e *D. insularis*, todas do subgrupo *willistoni*. Os fragmentos de *hobo* obtidos do genoma destas espécies estão sendo seqüenciados para análises de similaridade com o elemento completo. (PIBIC).