

A metilação de nucleotídeos consiste em uma das modificações epigenéticas que ocorrem no genoma dos organismos e é especialmente estudada em vertebrados. Estas mudanças influenciam a expressão gênica, mas não mudam a seqüência de DNA. Em eucariotos, as citosinas são convertidas a 5-metilcitosinas pela ação de metiltransferases após a replicação do DNA e em torno de 5% do genoma dos mamíferos é metilado. O genoma de *Drosophila* foi por muito tempo considerado livre ou com níveis não detectáveis de metilação. A partir de estudos recentes, no entanto, esse panorama começou a mudar. Experimentos em *D. melanogaster* confirmaram que a metiltransferase dDnmt2 é promotora da metilação no DNA da espécie. O gene *dDnmt2* já foi identificado em outras espécies de dípteros, demonstrando uma forte conservação na seqüência de aminoácidos da proteína dDnmt2. Nossa pesquisa tem o intuito de ampliar o conhecimento a respeito sobre a metilação do DNA no gênero *Drosophila*, visto que, em nosso grupo de pesquisa, já foi encontrada conservação na porção catalítica da enzima em *D. willistoni* e *D. melanogaster*, mas variabilidade na porção de reconhecimento da seqüência a ser metilada. O nosso objetivo é avaliar a conservação do gene *dDnmt2* em outras espécies de *Drosophila* (além de *D. willistoni*). Para tal, utilizamos primers que anelam na região que codifica a isoforma B da enzima dDnmt2, amplificando um fragmento de aproximadamente 980pb. As espécies analisadas pertencem aos grupos *melanogaster* e *saltans* (do mesmo subgênero de *D. willistoni* – *Sophophora*). Os produtos de PCR serão diretamente purificados com exonuclease I e shrimp alkaline phosphatase (SAP) e posteriormente submetidos a seqüenciamento automático. A análise dos alinhamentos e cromatogramas será feita para confirmar a identidade dessas seqüências no intuito de utilizá-las como possíveis ferramentas para análises evolutivas.