

047

INVESTIGAÇÃO DE SEQUÊNCIAS RELACIONADAS AO ELEMENTO TRANSPONÍVEL HOB0 EM ESPÉCIES DO GÊNERO DROSOPHILA . Luis Fernando Marin da Fonte, Fabiano Pimentel Torres, Elgion Lucio da Silva Loreto, Vera Lucia da Silva Valente Gaiesky (orient.)

(Departamento de Genética, Instituto de Biociências, UFRGS).

Elementos transponíveis (TEs) são sequências de DNA capazes de auto-mobilização e replicação dentro do genoma de um organismo, sendo apontados como geradores de variabilidade. Elementos hobo se transpõem via DNA e geralmente se apresentam em diferentes classes estruturais. Hobo funcionais possuem um tamanho de aproximadamente 3 Kb, têm curtas repetições terminais invertidas (ITRs) de 12 pb e possuem uma ORF que codifica uma transposase. Cópias defectivas derivadas por deleção de elementos completos e sequências muito antigas relacionadas a hobo (reliquias) também podem coexistir no genoma. Segundo a literatura, hobo apresenta uma das mais limitadas distribuições de TEs já descritas para o gênero *Drosophila*. Este gênero é composto por mais de 1400 spp. distribuídas em 15 subgêneros. Cada subgênero é composto por grupos e cada grupo por diferentes subgrupos relacionados. Um estudo por Southern blot com 142 espécies de 26 grupos do gênero *Drosophila* encontrou evidências de hibridização de hobo em apenas 2 subgrupos (*melanogaster* e *montium*) de um grupo (*melanogaster*) do subgênero *Sophophora*. Contudo, recentes trabalhos em nosso laboratório encontraram evidências da presença de sequências hobo em outro grupo (*willistoni*) do subgênero *Sophophora*. O presente estudo tem como objetivo investigar a presença de sequências relacionadas a hobo em diferentes espécies de *Drosophila* através de amplificação por PCR. Para isso, foram utilizados primers específicos para regiões internas de hobo e os produtos obtidos foram hibridizados por Southern blot utilizando sonda de hobo. De 10 espécies até agora testadas, 8 apresentaram amplificação por PCR e cinco foram analisadas por Southern blot, sendo que 4 mostraram hibridização com sonda de hobo. As outras 5 espécies também serão analisadas por Southern blot e ainda mais espécies serão investigadas. Os produtos de amplificação obtidos até agora estão sendo clonados e serão enviados para sequenciamento para caracterização final dessas sequências e posteriores análises filogenéticas das mesmas. (CNPq-Proj. Integrado).