

033

**SEQÜÊNCIA E ORGANIZAÇÃO DA REGIÃO RICA EM A+T DO MTDNA DE ZAPRIONUS INDIANUS.** Aline de Souza Dias, Vera Valente, Victor Hugo Valiati (orient.) (UNISINOS).

Desde seu registro em 1999, *Zaprionus indianus*, uma invasora na América do Sul, tem se tornado um dos drosofilídeos mais abundantes em muitos locais em determinados períodos. A eficiência colonizadora de *Z.indianus* tem levantado grandes preocupações de ordem ecológica, pois, parece representar uma ameaça potencial ao equilíbrio das assembléias de drosofilídeos neotropicais, que incluem muitas espécies endêmicas. Da mesma forma, o fato de ser polífaga e de infestar frutos ainda em fase de maturação, como é o caso do figo, na região de Valinhos (SP), provavelmente contribuiu para a sua rápida expansão por diversos estados brasileiros e países vizinhos, como o Uruguai. Devido à escassez de informações sobre o genoma mitocondrial desta espécie, que é uma interessante ferramenta para estudos populacionais e evolutivos, o presente trabalho tem como objetivo caracterizar a região controladora do genoma mitocondrial de *Zaprionus indianus* comparando-a com os demais drosofilídeos. Também desta forma, abrir a possibilidade de uma análise populacional, principalmente, poder traçar as direções de dispersão da espécie após sua chegada ao Brasil. Um fragmento de aproximadamente 1400pb, amplificado com *primers* que anelam nas regiões rRNA12S e Met39 que flanqueiam a região controladora, foi purificado e clonado no plasmídeo pCR4Ô-TOPOÔ. Um dos clones foi selecionado e seqüenciado em seqüenciador automático. Uma seqüência, com boa qualidade, de aproximadamente 1300pb foi obtida e submetida à comparação com as seqüências depositadas no GenBank, onde constatamos que se trata da região controladora do mtDNA. Também, o seu conteúdo de A+T (87%) é muito próximo ao encontrado na região controladora do mtDNA do gênero *Drosophila* (90%-96%). Uma análise preliminar demonstrou que as enzimas de restrição Alu I, Dra I, Ssp I, Vsp I, seriam candidatas para uma avaliação populacional através de RFLP.