

ISOLAMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES DA MOSCA PRAGA DA PECUÁRIA, *Cochliomyia hominivorax* (DIPTERA: CALLIPHORIDAE)

Torres, TT¹; Brondani, RPV²; Azeredo-Espin, AML^{1,3}

¹Centro de Biologia Molecular e Engenharia Genética (CBMEG), Unicamp, Campinas, SP, ²Laboratório de Biotecnologia, Embrapa-CNPAF, Santo Antônio de Goiás, GO, ³Departamento de Genética e Evolução, Instituto de Biologia, Unicamp, Campinas, SP.

ttorres@unicamp.br

Keywords: *C. hominivorax*, microsatélites.

A *Cochliomyia hominivorax* (Coquerel), conhecida no Brasil como mosca da bicheira, destaca-se como uma das mais importantes moscas causadoras de miíases, afetando o desenvolvimento econômico do setor agropecuário nas regiões Neotropicais. Devido aos grandes prejuízos econômicos causados por esta praga, está em andamento um programa internacional para se estudar a possibilidade da erradicação da mosca da bicheira de áreas endêmicas e da prevenção e resposta rápida a invasões em novas áreas e em áreas de re-introdução (áreas nas quais esta praga foi erradicada). Neste sentido, é de extrema importância a caracterização da variabilidade genética e estrutura de populações utilizando marcadores genéticos. Os microsatélites são uma classe especial de DNA repetitivo, consistindo de repetições em tandem de 2 a 6 pares de base. Algumas características atribuem aos microsatélites vantagens sobre outros marcadores: são tipicamente codominantes e multi-alelicos, com uma alta heterozigosidade esperada, são altamente polimórficos e específicos para um loco no genoma e estão densamente distribuídos no genoma de eucariotos. Estas características fazem dos microsatélites marcadores amplamente empregados estudos populacionais. O objetivo deste estudo foi isolar e caracterizar estes marcadores para, futuramente, realizar um amplo estudo populacional em populações geográficas de *C. hominivorax* da América do Sul. O DNA genômico extraído de pupas de *C. hominivorax* foi digerido com a enzima *Sau3A I* e os fragmentos no intervalo de 200 a 800 pb foram recuperados e ligados a adaptadores específicos. Fragmentos contendo repetições AC foram selecionados através da hibridização com oligonucleotídeos marcados com biotina e ligados a esferas magnéticas. Esta fração foi utilizada para construir uma biblioteca enriquecida para microsatélites contendo o motivo AC e os clones positivos foram confirmados através da hibridização com sonda poli (dA-dC). A presença dos microsatélites e sua posição dentro do inserto clonado foram determinadas através da estratégia de PCR ancorada. Um total de 40 clones selecionados pela PCR ancorada foram seqüenciados resultando em 19 seqüências úteis para o desenvolvimento de "primers". "Primers" específicos complementares as regiões flanqueando os microsatélites foram desenhados e sintetizados. Os locos selecionados estão sendo avaliados para determinar sua utilidade em estudos populacionais de *C. hominivorax*. O objetivo desta primeira etapa consiste em desenvolver pelo menos 10 marcadores microsatélites com heterozigosidade esperada maior que 0,7. O isolamento e caracterização de marcadores microsatélites abre uma nova perspectiva para a geração de informações fundamentais sobre a estrutura de populações de *C. hominivorax* na sua atual distribuição geográfica e para monitorar a expansão desta importante praga da pecuária em novas áreas.

Apoio Financeiro: FAPESP, CNPq e IAEA.