

origen. Supported by FAPESP 98/09789-4, 98/05584-9 and JNSERM-FAPESP 98/09809-5.

GMA020 - FREQUÊNCIAS DOS ALELOS DE κ -CASEÍNA, β -LACTOGLOBULINA E HORMÔNIO DE CRESCIMENTO EM BOVINOS DA RAÇA SIMENTAL. SURIANO, M.T.¹; TAMBASCO, S. M.¹; TAMBASCO, D.D.¹; ALENCAR, M.M.²; REGITANO, L.C.A.². ¹UFSCar, São Carlos - SP; Embrapa-CPPSE, São Carlos-SP.

O gado da raça Simental, de origem Suíça, é considerado produtor de leite e de carne mas, no Brasil, devido ao clima quente e ao baixo valor nutritivo das pastagens, sua aptidão como produtor de carne é explorada mais intensamente. Polimorfismos dos genes κ -caseína (CSN3), β -lactoglobulina (LGB) e hormônio de crescimento (GH) foram investigados em uma amostra de 52 animais não aparentados da raça Simental. Os segmentos de tais genes foram amplificados pela reação em cadeia da polimerase (PCR) e digeridos com as enzimas de restrição *Hinf*I para CSN3, *Hae*III para LGB e *Alu*I para GH. Os produtos foram separados em géis de agarose a 3%, tendo sido observados os alelos A e B para os genes da CSN3 e LGB e os alelos L (leucina) e V (valina) para o gene do GH. Os dados foram analisados pelo software Genepop, com o objetivo de estimar as frequências alélicas, que foram comparadas à dados da literatura. Na população Simental considerada verificou-se equilíbrio de Hardy-Weinberg para todos os locos. Para o marcador CSN3, foram observadas frequências de 0,654 e 0,346 para os alelos A e B, respectivamente. Frequências similares foram verificadas em outros trabalhos nas raças Caracu e Canchim, opostamente às raças Nelore, Gyr, Guzerá e Sta. Gertrudes, onde houve predominância do alelo A (maior que 0,8) e à raça Jersey, na qual a frequência deste alelo foi menor que 0,2. Para o alelo A de LGB, a frequência encontrada foi 0,460, similar às frequências verificadas nas raças Nelore e Canchim, maior que as observadas nas raças Sta. Gertrudes, Jersey, Gyr e Guzerá (0,17; 0,30; 0,37 e 0,34, respectivamente) e menor que as observadas nas raças Caracu e Charolês (0,57 e 0,55, respectivamente). Para o loco do GH, o alelo L foi verificado com frequência de 0,817, similar ao observado na raça Caracu e em contraste com as frequências verificadas nas raças Nelore, Gyr e Guzerá, onde esse alelo apresentou-se fixado. A caracterização genética com base na análise de marcadores moleculares constitui uma ferramenta útil para estudos populacionais. Auxílio financeiro: FAPESP, CAPES, Embrapa.

GMA021 - SEQUENCE ANALYSIS OF THE MITOCHONDRIAL CYTOCHROME OXIDASE II IN ANOPHELES NUNEZTOVARI (DIPTERA, CULICIDAE) FROM NORTHERN SOUTH AMERICA. SCARPASSA, V. M.¹ & CONN, J. E.² 1. Instituto Nacional de Pesquisas da

Amazônia (INPA), Manaus, AM, Brazil. 2. Department of Biology, University of Vermont, Burlington, VT, USA. e-mail: vera@inpa.gov.br

Previous molecular (allozymes, ITS2 sequences, mtDNA-RFLP), male genitalia and ultrastructure egg studies have shown varying degrees of divergence between populations of the neotropical malaria vector *Anopheles nuneztovari* from Brazil and Colombia/Venezuela. However, none of these studies strongly supports the hypothesis that *A. nuneztovari* is constituted of at least two cryptic species, based on a fixed inversion difference in polytene chromosomes. In this study, we sequenced 873 base pairs of DNA from the mitochondrial cytochrome oxidase subunit I (COI) of 16 populations of *A. nuneztovari*, throughout its geographic range in South America (Bolivia, Brazil, Colombia, Suriname, and Venezuela), and the outgroups *Anopheles dunhami* and *Anopheles darlingi*. The populations of *A. nuneztovari* sequenced yielded 22 distinct haplotypes. The uncorrected pairwise divergence ranged from 0.1% to 2.5%, with the highest values observed within Brazil. The divergence values between the populations from Brazil/Suriname and Bolivia/Colombia/Venezuela ranged from 0.9% to 2.2%, while the divergence values between the two sister-taxa *A. nuneztovari* and *A. dunhami* ranged from 1.6% to 3.2%, and between *A. nuneztovari* and *A. darlingi* ranged from 8.6% to 9.2%. The data matrix presented 42 (4.8%) variable sites, of which 32 (3.7%) are phylogenetically informative within *A. nuneztovari*. Including the outgroups *A. dunhami* and *A. darlingi*, the data matrix showed 53 (6.1%) and 108 (12.4%) variable sites, and 42 (4.8%) and 96 (11.0%) phylogenetically informative sites, respectively. The nucleotides A and T made up 70% of all haplotypes, and C and G were observed at frequencies of 16% and 14%, respectively. Transitions were more common than transversions, and substitutions of T \leftrightarrow C were the most frequent. Most of the transitions (87.2%) occurred at the third codon position. The strict consensus trees, using maximum parsimony, suggest that all populations of *A. nuneztovari* form a monophyletic group (94% bootstrap support) with respect to the selected outgroups. We suggest, based on uncorrected p-distance data, that populations from Brazil/Suriname and Bolivia/Colombia/Venezuela may represent at least two ancient evolutionary species within *A. nuneztovari*. However, if there really are two or more cryptic species within *A. nuneztovari*, monophyly observed by the bootstrap analysis could be explained by the retention of ancestral mtDNA polymorphism after separation of these cryptic species. This research was supported by INPA/PPI-3190 and NIH.

GENETICA ANIMAL MOLECULAR

GMA022 - RECOVERY OF mtDNA FROM MUSEUM SPECIMENS OF MYIASIS-CAUSING FLIES. JUNQUEIRA, A. C. M.; LESSINGER, A. C. AND AZEREDO-ESPIN, A. M. L. Universidade Estadual de Campinas. E-mail: