

039

**OCORRÊNCIA DE DIFERENTES SUBFAMÍLIAS DO ELEMENTO MARINER NO GÊNERO GIRARDIA: UMA ABORDAGEM FILOGENÉTICA.** *Desirée Cigaran Schuck, Fernanda Sperb, Victor Hugo Valiati, Jaqueline Josi Samá Rodrigues (orient.)* (UNISINOS).

A família *mariner* de transposons é amplamente distribuída em todos os táxons, subdividindo-se em diferentes subfamílias de acordo com a similaridade das seqüências. Em planária, encontrou-se *mariner*, da subfamília *cecropia*, somente na espécie *Girardia tigrina*. Em *Girardia schubarti* não foram detectados elementos pertencentes a essa família. Baseado nessas informações, o objetivo deste trabalho é o de investigar a presença do elemento e das suas subfamílias em *G.schubarti* e *G.tigrina*, bem como a relação filogenética com outras seqüências já descritas. A metodologia utilizada foi a amplificação por PCR, com o uso de um par de *primers* degenerados (denominados MAR) representando os domínios conservados da família. Foram realizadas, também, reações de *nested*-PCR associando-se o *primer* direto MAR a outros três *primers* reversos específicos para algumas subfamílias. Com os *primers* MAR, foram obtidos produtos de tamanho esperado em ambas espécies, indicando a presença do elemento. Já nos *nested*-PCRs, em *G.schubarti*, houve amplificação para as subfamílias *cecropia* e *mellifera*. Nossa população de *G.tigrina* não apresentou o elemento da subfamília *cecropia*, como previamente descrito para outras populações desta espécie de planária. Além disso, descreve-se, pela primeira vez para *G.tigrina*, a presença da subfamília *mellifera* e novos elementos da subfamília *cecropia*. Os produtos de PCR foram seqüenciados, confirmando a presença de diversas subfamílias em ambas as espécies. As comparações dessas seqüências com outras, obtidas em estudos anteriores, sugerem possíveis eventos de perda estocástica e infiltração desses elementos em momentos distintos da história evolutiva do gênero *Girardia*. Para testar essa hipótese, os amplicons obtidos com os *primers* MAR foram clonados e enviados para seqüenciamento. As seqüências serão comparadas com o GenBank e alinhadas com o programa Clustal W.