

057

**DETECÇÃO DE ELEMENTOS TRANSPONÍVEIS POSSIVELMENTE ENVOLVIDOS NA DISGENESIA DO HÍBRIDO DE *Drosophila willistoni*.** Rodolfo K. C. Ribas, Monica L. Blauth, Vera L. Valente- Gaiesky. (Laboratório de Drosophila, Depto. de Genética, IB, UFRGS).

Elementos transponíveis (TEs) são seqüências de DNA que mudam de posição no genoma de bactérias, plantas e animais. Os TEs são divididos em duas classes: os transposons, que se mobilizam via molécula de DNA, e os retroelementos, que se mobilizam via molécula de RNA. Em espécies de *Drosophila*, a mobilização destes TEs pode ser induzida no cruzamento de determinadas linhagens, provocando a síndrome denominada disgenesia do híbrido, cuja principal característica é esterilidade e atrofia gonadal da prole. As disgenesias causadas pelos TEs *P*, *hobo* e *I* foram bem caracterizadas em *D. melanogaster*. Em *D. willistoni*, uma espécie neotropical, a disgenesia do híbrido foi descrita no cruzamento das linhagens WIP-4 (BA) e 17A2 (RS). Apesar da similaridade com a síndrome provocada pelo elemento *P* em *D. melanogaster*, alguns fenótipos distintos foram descritos, e a enzima responsável pela mobilização do elemento *P* não foi detectada na prole disgênica de *D. willistoni*. Assim, sugere-se que outro - ou mais de um - TE possa estar envolvido na disgenesia. Com o objetivo de caracterizar a disgenesia do híbrido de *D. willistoni*, iniciou-se um estudo dos TEs presentes em 10 linhagens desta espécie, distribuídas longitudinalmente nas Américas. Considerando estudo prévio, realizado com estas mesmas linhagens, com os transposons *P* e *hobo*, o presente trabalho analisa a presença dos retroelementos *412* e *gipsy*. A análise foi feita por PCR utilizando iniciadores específicos para a seqüência destes retroelementos, e os resultados mostram que todas linhagens apresentam estes TEs no genoma. Por PCR obtiveram-se indícios de possíveis deleções do TE *412*. A presença de TEs completos - ou seja, potencialmente funcionais - será feita pela realização de *Southern blot* de DNA genômico. A atividade de ambos os TEs será analisada também pela técnica de RT-PCR. (Fapergs, PROPESQ - UFRGS, CNPq).