

456

SEQÜENCIAMENTO E ANÁLISE DE ESTS DE ECHINOCOCCUS GRANULOSUS. Manuel Rodrigues Loncan, Arnaldo Zaha, Henrique Bunselmeyer Ferreira (orient.) (UFRGS).

Echinococcus granulosus (Cestoda, Taeniidae) é o agente causador da hidatidose cística, uma zoonose de importância médica e veterinária. O verme adulto tem como hospedeiro definitivo o cão, enquanto bovinos e o homem, por exemplo, servem como hospedeiros intermediários da fase larval (cisto hidático) patogênica. A parede cística é composta por uma camada laminar externa e de uma camada germinativa interna, que dá origem aos protoescólices, que por sua vez, originam vermes adultos quando ingeridos pelo hospedeiro definitivo. No intuito de identificar genes expressados diferencialmente no cisto hidático, foram construídas seis bibliotecas de cDNA enriquecidas em transcritos completos (Fernández et al., Mol. Biochem. Parasitol, 2002) derivados de populações de mRNAs de protoescólices e da parede cística. Em colaboração com o Sanger Institute (Reino Unido), este projeto tem como objetivo gerar 2000 seqüências a partir de cada biblioteca. As seqüências geradas estão sendo processadas e depositadas em uma base pública de dados de ESTs de helmintos (LophDB, <http://nema.cap.ed.ac.uk/Lopho/LophDB.php>), aonde já foi disponibilizado um total de 7138 ESTs, representando mais de 98% das ESTs publicamente disponíveis para *E. granulosus*. No LBMC, foram preparados estoques de 7500 clones, tendo-se gerado 2500 seqüências por seqüenciamento automático, das quais 467, já se encontram disponíveis no LophDB. As seqüências obtidas estão sendo analisadas comparativamente com bancos de dados de domínio público de nucleotídeos, proteínas e domínios funcionais, permitindo a caracterização estrutural e funcional do transcrito da fase larval de *E. granulosus*. Pretende-se também desenvolver uma base de dados local para o acesso às informações que estão sendo geradas. (PIBIC).