



## ALINHAMENTO DAS SEQÜÊNCIAS DA REGIÃO 3' DO GENE C3-22 DE *RHYNCHOSCIARA AMERICANA* (DÍPTERA: SCIARIDAE) GERADAS POR SEQÜENCIAMENTO AUTOMÁTICO

Cláudia Regina das Neves Saez<sup>1</sup>; Paulo Henrique Marquiori Visacre<sup>2</sup>; Fabiana de Souza Gouveia<sup>3</sup>; Maria Aparecida Fernandez<sup>4</sup>; Adriana Fiorini<sup>5</sup>

**RESUMO:** A reação de seqüenciamento de ácidos nucleicos permite determinar a ordem das bases nucleotídicas na molécula do DNA. Existem dois métodos de seqüenciamento, o automático e o manual, sendo o primeiro mais utilizado atualmente. O seqüenciamento automático é feito pela Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) utilizando, além dos deoxinucleotídeos normais (dNTPs), os dideoxinucleotídeos (ddNTPs), que são marcados com material fluorescente, uma cor para cada base, permitindo a detecção de diferentes fragmentos durante a migração pela eletroforese capilar. O seqüenciamento é apenas a primeira etapa de um processo cujo resultado final poderá resultar em novos métodos de análise sobre as características funcionais e estruturais do DNA. O gene C3-22 do sciarídeo *Rhynchosciara americana* está localizado em uma região amplificada do pufe de DNA C3. Estima-se que o produto do gene C3-22 seja uma proteína de secreção, que parece estar envolvida na formação do casulo pupal de *R. americana*. Aproximadamente 11 kb da região a montante e unidade da transcrição deste gene já foi seqüenciada e foram detectados recentemente por nosso grupo de pesquisa sítios intrínsecos de curvatura DNA, na zona de replicação a 5' do gene, na região promotora e unidade de transcrição. Para completar o mapeamento destas características estruturais será necessário a obtenção da seqüência da região 3' do gene C3-22. Portanto, o objetivo deste projeto é realizar o alinhamento das seqüências parciais já obtidas para esta região e determinar estratégias para o seqüenciamento dos *gaps* (interrupções da seqüência total). Análises de alinhamento preliminares serão realizadas com o auxílio de ferramentas *online* disponíveis no site do EMBL (<http://www.ebi.ac.uk/embl/>). Com a seqüência completa da região será possível a realização de novos estudos como a análise das características estruturais deste segmento amplificado ou outras análises baseadas na seqüência de nucleotídeos.

Palavras-chave: Seqüenciamento automático, *Rhynchosciara americana*, gene C3-22.

<sup>1</sup> Acadêmica do Curso de Ciências Biológicas. Departamento de Ciências Biológicas do Centro Universitário de Maringá – CESUMAR, Maringá – PR. Bolsista do Programa de Bolsas de Iniciação Científica do CESUMAR (PROBIC/CESUMAR). [cloursaez@hotmail.com](mailto:cloursaez@hotmail.com)

<sup>2</sup> Acadêmico do Curso de Ciências Biológicas. Departamento de Ciências Biológicas do Centro Universitário de Maringá – CESUMAR, Maringá – PR. [paulo@visafer.com.br](mailto:paulo@visafer.com.br)

<sup>3</sup> Mestre em Genética e Melhoramento. Universidade Estadual de Maringá. Maringá – PR. [fabigouveia@gmail.com](mailto:fabigouveia@gmail.com)

<sup>4</sup> Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. da Universidade Estadual de Maringá. Departamento de Biologia Celular e Genética. Universidade Estadual de Maringá, UEM, Maringá – PR. [aparecidafernandez@gmail.com](mailto:aparecidafernandez@gmail.com)

<sup>5</sup> Discente do Curso de Ciências Biológicas do Cesumar. Departamento de Ciências Biológicas do Centro Universitário de Maringá – CESUMAR, Maringá – PR. [fiorini@cesumar.br](mailto:fiorini@cesumar.br)