



ANÁLISE DE BIOINFORMÁTICA PARA DETERMINAÇÃO DE ENDONUCLEASES PARA O GENE BRCA1 EM CÃES

Angélica Madurera Lagos¹; Izabela Gonçalves Ramirez Gomes²; Stefania Caroline Claudino da Silva³

¹Acadêmica do Curso de Medicina Veterinária, Centro Universitário de Maringá – UNICESUMAR. Bolsista PIBIC/UniCesumar.

²Acadêmica do Curso de Medicina Veterinária, UNICESUMAR.

³Orientadora, Doutora, Docente do Departamento de Medicina Veterinária, UNICESUMAR.

RESUMO: A proteína BRCA1 está associada a propagação de erros gênicos por perda de controle do ciclo celular e apoptose, resultando em aumento descontrolado da taxa de proliferação celular. Em cães, os tumores de mama são as neoplasias mais comuns, e o gene BRCA1 torna-se um forte candidato a estudos moleculares, uma vez que informações de polimorfismos ainda são poucas nesta espécie. Uma maneira eficiente de validação de polimorfismos genético em populações grandes é a técnica de RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism), entretanto esta técnica depende da escolha correta das endonucleases. Deste modo, objetivamos com esta pesquisa realizar análise de bioinformática no gene BRCA1, para que seja possível determinar sítios de restrição e endonucleases adequadas. Para tal, as sequências de éxons serão alinhadas por meio de bioinformática, utilizando o software gratuito *Needleman-Wunsch Global Align Nucleotide Sequences*. Após alinhamento será anotada a posição exata dos possíveis polimorfismos genéticos, e as sequências serão avaliadas por meio dos softwares gratuitos: *GeneRunner*. Os sítios de corte sugeridos pelo software serão testados via software e *Restriction mapper 3*, para evidenciar os fragmentos esperados com a restrição. Ao fim, os sítios de restrição, as endonucleases e os fragmentos esperados serão organizados em forma de tabela, como base de pesquisa para futuros estudos. Através da realização desta pesquisa, espera-se identificar por meio de bioinformática, possíveis regiões polimórficas, sítios de restrição, endonucleases e fragmentos esperados para o gene BRCA1 em cães.

PALAVRAS-CHAVE: Biologia molecular; oncogênese; tumor de mama.