

402

ANÁLISE DAS REGIÕES FLANQUEADORAS DOS GENES QUE CODIFICAM AS SUBUNIDADES DO ANTÍGENO B DE ECHINOCOCCUS GRANULOSUS. *Patrícia Schonhofen, Ana Arend, Arnaldo Zaha (orient.) (UFRGS).*

O antígeno B (AgB) de *Echinococcus granulosus* é codificado por uma família gênica com quatro genes já caracterizados (AgB1, AgB2, AgB3 e AgB4) e apesar da sua importância, poucos estudos foram realizados sobre sua organização, regulação e distribuição. Para analisar as regiões flanqueadoras e investigar a organização desses genes no genoma do parasito, foi realizada PCR, de DNA genômico, utilizando primers específicos para os genes codificadores do AgB e o primer de seqüência consenso de telômero (C3TA2)5 (tel). Os produtos desta PCR foram analisados por Southern Blot, com sonda específica para o AgB. Foram selecionadas e purificadas as bandas de 2 kb e 1,6 kb da PCR com primers tel e para AgB4. Esses amplicons já foram clonados e serão seqüenciados. Na tentativa de obtenção das regiões 5' dos mRNAs codificadores das subunidades do AgB, ainda desconhecidas, foram realizados experimentos de 5' RACE (Invitrogen). Utilizando primers específicos para AgB1, AgB2, AgB3 e AgB4 foram obtidos fragmentos de aproximadamente 200 pb. O AgB3 também apresentou fragmentos de 300 e 500 pb. O amplicon de AgB2 foi purificado e seqüenciado. Análises por Blast indicaram correspondência dessa seqüência com regiões genômicas flanqueadoras de AgB2 depositadas no Genbank (DQ148518). Os fragmentos de 200 pb obtidos nos experimentos de 5' RACE corroboram com os dados de análises das seqüências das regiões flanqueadoras disponíveis nos bancos públicos de *E. granulosus*. A análise preliminar da região 5' do AgB2, indica que esta tem um tamanho aproximado de 45 pb e apresenta minissatélites do tipo GT, já observados em estudos anteriores nas seqüências dos genes AgB3 e AgB4. Já foram obtidos 12 clones para AgB2, 38 para o amplicon de 500pb do AgB3, 15 para o amplicon de 300pb do AgB3, 12 para o amplicon de 200pb do AgB3 e 12 para o AgB4. Esses clones serão analisados por seqüenciamento.