

**ANÁLISE *IN SILICO* DE INICIADORES ESPECÍFICOS PARA *CRYPTOSPORIDIUM*
*BAILEYI***

(*IN SILICO ANALYSIS OF SPECIFIC PRIMERS OF CRYPTOSPORIDIUM BAILEYI*)

M. H. GARCIA¹, B. A. SOARES², J. M. P. BARÇANTE³, A. P. PECONICK⁴

A criptosporidiose aviária é uma doença de relevância devido à capacidade de produzir doença respiratória e/ou gastrointestinal, altos índices de morbidade e mortalidade. Utilizando métodos moleculares, as amostras isoladas de animais ou do ambiente podem ser caracterizadas ampliando o conhecimento da distribuição e biologia desses parasitos. A técnica de PCR é uma ferramenta útil para a identificação das espécies de *Cryptosporidium*. A utilização de bons iniciadores é fundamental para o sucesso da técnica. Neste estudo objetivou-se realizar uma análise *in silico* de primers para *Cryptosporidium baileyi* utilizando o software OligoAnalyser 3.1. Foram selecionados cinco genes de *C. baileyi* e desenhados cinco pares de iniciadores (forward/reverse) para cada gene. A análise *in silico* foi realizada baseada na avaliação da temperatura de anelamento, na proporção CG, no tamanho do iniciador e na similaridade com *C. baileyi* e no distanciamento genético comparado a outras espécies de *Cryptosporidium* e a outras espécies passíveis de serem encontradas nas fezes de frango ou em amostras de água ambiental. Dos 25 pares de iniciadores analisados, verificou-se que 23 apresentaram padrões qualitativos satisfatórios. Dois iniciadores foram considerados inadequados devidos à alta concentração de CG. Vinte e três iniciadores apresentaram similaridade superior a 95% com outras espécies de *Cryptosporidium*. Dois pares de iniciadores apresentaram similaridade de 100% com *C. baileyi*, mas similaridade em torno de 85% com outras espécies do gênero. O desenho de iniciadores para PCR é o passo chave para uma reação bem sucedida, sendo um procedimento simples quando a seqüência do DNA alvo a ser amplificada é conhecida. No presente trabalho verificou-se que a ausência de um seqüenciamento completo para *C. baileyi* dificultou a seleção bons iniciadores, resultando em alta identidade com outras seqüências gênicas. Diante destes resultados conclui-se que há a necessidade de continuar as análises *in silico* a fim de obter um conjunto de iniciadores com grande probabilidade de serem eficazes.

APOIO: CNPq e FAPEMIG

1 - Bolsista de Iniciação Científica FAPEMIG – DMV/UFLA. (mary_hayashi@hotmail.com)

2 - Doutorando em Doenças de aves – UFMG.

3 - Professor (a) do Departamento de Medicina Veterinária – UFLA.

4 - Professor (a) do Departamento de Medicina Veterinária – UFLA.