

Análise exploratória do transcrito de *Triatoma infestans* (Hemiptera:Reduviidae)

Carlota J. Belisário¹, Luciana M. de Oliveira^{2,3}, Leilane O. Silva², Grasielle C. D. Pessoa¹, Liléia Diotaiuti¹, Jerônimo C. Ruiz²

¹ Centro de Pesquisas René Rachou- Laboratório de Referência em Triatomíneos e Epidemiologia da Doença de Chagas; Av. Augusto de Lima, 1715 CEP 30190-002, Belo Horizonte, MG. ² Centro de Pesquisas René Rachou- Informática de Biosistemas. ³Universidade Federal de Minas Gerais- ICB Programa de pós graduação em Bioinformática; Av. Pres. Antônio Carlos, 6627 CEP 31270-901, Belo Horizonte-MG

A Biologia de Sistemas busca novas abordagens para compreender a vida fundamentando-se na integração das análises em larga escala de DNA, RNA, proteicas e dados metabólicos com modelagens matemáticas e análise computacional. Dentro deste contexto, este trabalho visa à obtenção de um panorama inicial do transcrito de *Triatoma infestans*, principal vetor da doença de Chagas na Argentina, Paraguai e Bolívia. Os insetos utilizados foram provenientes das localidades de San Silvestre e Villamontes, departamento de Santa Cruz, Bolívia. Foram utilizados quatro *pools* de cada localidade. O RNA de cada amostra foi avaliado quanto à integridade, tamanho, quantificado e selecionados os que apresentaram valores de RIN $\geq$ 4.3. A partir do DNA complementar foram construídas bibliotecas do tipo *paired-end* (PE 2x 250) sequenciadas pela tecnologia *MiSeq* (Illumina). O algoritmo *Prinseq* foi empregado para gerar as estatísticas associadas ao número e tamanho das *reads*, %GC e qualidade de cada base. Foram obtidos $1,1 \times 10^7$ *reads* com qualidade *Phred* $\geq$ 20. A porcentagem média de GC foi de 42% com padrão de distribuição bimodal. A montagem *de novo* do transcrito virtual foi realizada com o algoritmo Trinity. Foram identificados 68.745 genes e 2.609 isoformas com tamanho médio de 303 pb, valor de N50 foi 417 e 37% de conteúdo GC. As *reads* de cada amostra mapearam em média 90% no transcrito de referência. A anotação funcional dos genes e isoformas foi realizada pelo algoritmo BlastX contra os bancos de dados não redundantes (NR) do NCBI, PFAM e SwissProt. Destas, apenas 0,23% possuíam algum *hit* contra alguma espécie de *Triatoma*. Muitos destes, as funções estavam relacionadas à glândula salivar, histonas e proteínas de *Triatoma vírus*, além de um grande número de proteínas preditas ou hipotéticas. Os resultados da anotação funcional serão apresentados.

Palavras-chave: *Triatoma infestans*, transcrito, doença de Chagas

Apoio: FAPEMIG Projeto 23867, Projeto Universal FAPEMIG APQ-02375-13, Centro de Pesquisas René Rachou- Fiocruz, Bolsa DS-CAPE