

*Mesocestoides corti* é um platelminto endoparasita utilizado como modelo experimental para o estudo da classe cestoda, a qual abriga também os gêneros *Echinococcus* e *Taenia*, ambos de grande importância médica e veterinária. Pouco ainda é sabido sobre os mecanismos moleculares envolvidos no processo de desenvolvimento de cestódeos. Assim, o objetivo geral deste trabalho é estudar genes e proteínas diferencialmente expressos durante este processo em *M. corti*. Em estudos anteriores, nosso grupo construiu bibliotecas de cDNA enriquecidas com sequências diferencialmente expressas em larvas e vermes segmentados e, delas, foram selecionadas para estudo sequências de cDNAs correspondentes a genes conservados relacionados ao desenvolvimento. Um dos cDNAs selecionados codifica parte de uma cromodomínio-helicase (CHD), com ortólogos envolvidos em processos de remodelagem de cromatina e controle da expressão gênica em diferentes espécies eucarióticas. A sequência parcial da CHD foi amplificada a partir de RNA de tetratirídeos por RT-PCR, clonada por recombinação *in vivo* em vetor modificado da série pGEX e expressa em *Escherichia coli* como proteína de fusão com a glutathione-S-transferase (GST). A proteína recombinante foi posteriormente purificada por cromatografia de afinidade em coluna de glutathione-agarose, clivada com a protease TEV para liberação da GST e utilizada na imunização de um coelho. O anti-soro policlonal monoespecífico assim produzido foi utilizado em experimentos de imunoblot para confirmar que o nível de expressão da CHD é maior em tetratirídeos do que em vermes adultos. Experimentos de imunohistoquímica e de análise transcricional por RT-PCR serão agora realizados para uma melhor caracterização do padrão de expressão espaço-temporal da CHD ao longo do processo de estrobilização de *M. corti*. Apoio: CNPq-PIBIC