

Caracterização *in silico* dos produtos de excreção/secreção de *Mesocestoides corti*

Cristiane Costa Mello & Henrique Bunselmeyer Ferreira*

Laboratório de Genômica Estrutural e Funcional e Laboratório de Biologia Molecular de Cestódeos, Centro de Biotecnologia

*Este trabalho teve a colaboração do estudante de mestrado Tiago Minuzzi F. F. Gomes



INTRODUÇÃO

Platelmintos da classe Cestoda são endoparasitos tanto na fase larval como na fase adulta, ocasionando cestodíases de distribuição mundial, a exemplo da equinococose e da cisticercose, as quais afetam seres humanos e animais domésticos, como suínos e bovinos, sendo de grande importância médica, veterinária e econômica. O cestódeo *Mesocestoides corti* é usado como espécie-modelo para o estudo dos parasitos desta classe, devido a sua fácil manutenção *in vivo* e *in vitro*, uma vez que sua forma larval (tetratrídeo) é capaz de ser mantida *in vivo* em hospedeiros experimentais, e, *in vitro*, ela pode ter seu desenvolvimento estrobilar (em verme adulto) induzido em condições controladas (MARKOSKI, M. M. *et al.*, 2003).

Os produtos de excreção/secreção (ES) são o conjunto de proteínas excretadas/secretadas pelas células de um organismo e, para cestódeos e outros parasitos, são extremamente importantes para modulação de interações com o hospedeiro. O conjunto desses produtos, denominado secretoma, está exposto ao sistema imune e a fármacos. Muitas proteínas do secretoma de cestódeos são potenciais alvos para o desenvolvimento de novos métodos imunodiagnósticos e anti-helmínticos (GEARY, J. *et al.*, 2012). Assim, o objetivo deste trabalho é a caracterização inicial do secretoma de *Mesocestoides corti* através de ferramentas *in silico*.

MATERIAIS E MÉTODOS

O proteoma predito a partir de dados genômicos de *M. corti* foi analisado utilizando os softwares TMHMM, Phobius, SignalP, SecretomeP, TargetP, PS-Scan e PredGPI para predição do secretoma, conforme a Figura 1. Os programas InterPro Scan, KAAS e BiNGO foram utilizados para a identificação de domínios proteicos, mapeamento de vias metabólicas e ontologia gênica dos produtos de ES, respectivamente.

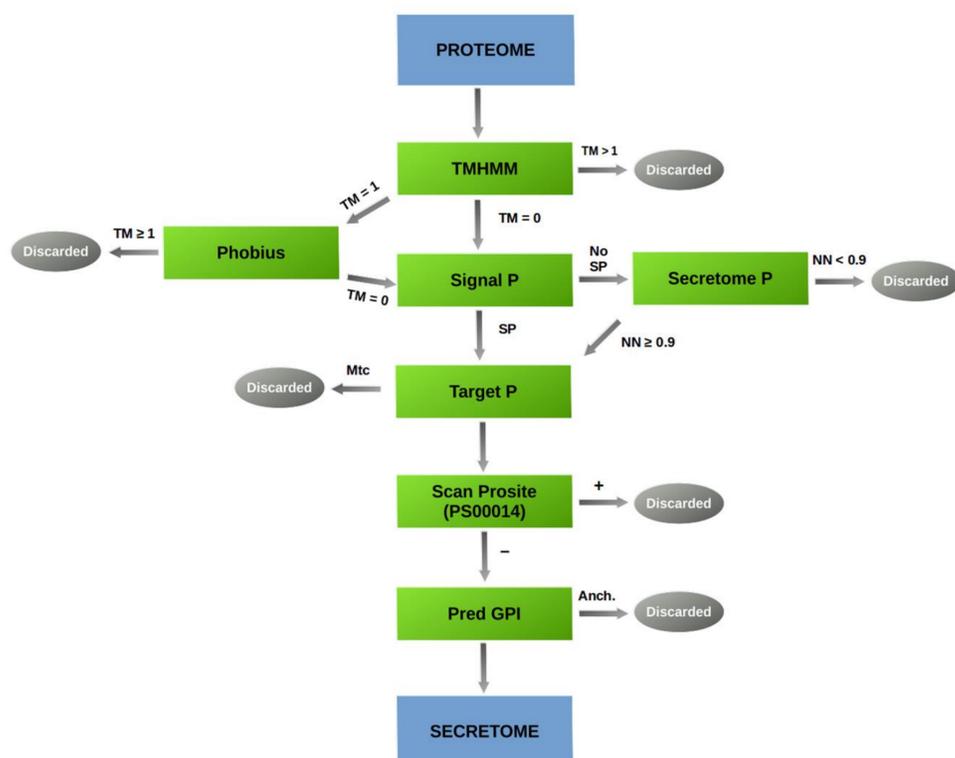


Figura 1: Esquematização dos softwares e parâmetros utilizados para a predição do secretoma de *M. corti* a partir do proteoma predito da espécie.

Nos secretomas de *Echinococcus granulosus*, *Echinococcus multilocularis* e *Taenia solium*, previamente preditos *in silico* (MINUZZI, T. & FERREIRA, H. B., dados não publicados), foi realizada a busca de proteínas ortólogas às de *Mesocestoides corti* através da ferramenta OrthoFinder. Comparou-se, também, os resultados dos programas InterPro Scan e KAAS dos secretomas totais entre *M. corti* e cada uma das outras três espécies.

RESULTADOS

Um total de 639 proteínas foram preditas como componentes do secretoma de *M. corti*. A busca por proteínas ortólogas resultou em um total de 93 proteínas comuns entre *M. corti*, *E. granulosus*, *E. multilocularis* e *T. solium*, além da identificação de 232 domínios comuns entre *M. corti* e *E. granulosus* e entre *M. corti* e *E. multilocularis*, e 254 domínios comuns entre *M. corti* e *T. solium*. Foram evidenciadas 114 vias metabólicas comuns entre *M. corti* e *E. granulosus*, 102 entre *M. corti* e *E. multilocularis*, e 130 entre *M. corti* e *T. solium* envolvendo os secretomas preditos. Dentre as vias evidenciadas, várias delas podem estar relacionadas a processos relevantes de interação parasito-hospedeiro, como, por exemplo “Adherens junction”, “Amino sugar and nucleotide sugar metabolism” e “Protein digestion and absorption”.

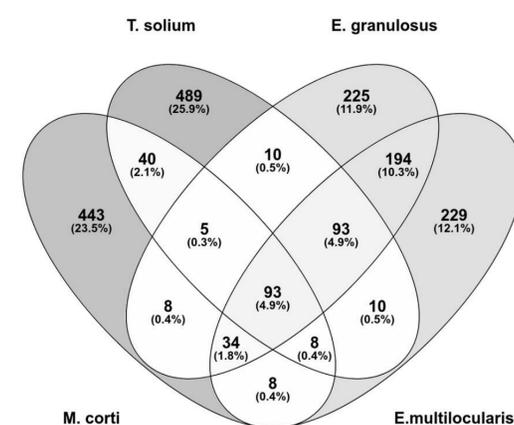


Figura 2: Diagrama de Venn representando os produtos de ES compartilhados entre *E. granulosus*, *E. multilocularis*, *M. corti* e *T. solium*, totalizando 93 produtos comuns às quatro espécies.

CONCLUSÕES

A partir desses resultados, demonstrou-se similaridades que corroboram *M. corti* como espécie-modelo de cestódeos, podendo ajudar na caracterização dos secretomas dos organismos pertencentes ao mesmo táxon. Muitas diferenças entre as espécies também foram evidenciadas, demonstrando singularidades de cada uma, que podem ser relacionadas à especificidade de hospedeiros.

REFERÊNCIAS

- MARKOSKI, M. M. *et al.* *In vitro* segmentation induction of *Mesocestoides corti* (Cestoda) Tetrathyridia. *Journal of Parasitology*, v. 89, n. 1, p. 27–34, fev. 2003.
GEARY, J. *et al.* First analysis of the secretome of the canine heartworm, *Dirofilaria immitis*. *Parasites & vectors*, v. 5, p. 140, 10 jul. 2012.

Apoio

