

SALÃO DE
INICIAÇÃO CIENTÍFICA
XXIX SIC

UFRGS
PROPESQ



múltipla 
UNIVERSIDADE
inovadora  inspiradora

Evento	Salão UFRGS 2017: SIC - XXIX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2017
Local	Campus do Vale
Título	Caracterização in silico dos produtos de excreção/secreção de Mesocestoides corti
Autor	CRISTIANE COSTA MELLO
Orientador	HENRIQUE BUNSELMEYER FERREIRA

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

Cristiane Costa Mello, Tiago Minuzzi F. F. Gomes & Henrique Bunselmeyer Ferreira

Laboratório de Genômica Estrutural e Funcional, Centro de Biotecnologia

Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Platelmintos da classe Cestoda são endoparasitos na fase larval bem como na fase adulta, ocasionando cestodíases de disseminação mundial, a exemplo da hidatidose e cisticercose, as quais afetam seres humanos e animais domésticos, como suínos e bovinos, sendo de grande importância médica, veterinária e econômica. Nesse contexto, o helminto *Mesocestoides corti* pode ser usado como espécie-modelo para o estudo de cestódeos, 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. 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, é facilmente acessível pelo sistema imune e drogas, podendo tornar-se alvo para o desenvolvimento de métodos imunodiagnósticos e fármacos, a fim de diagnosticar e tratar infecções causadas pelos parasitos. Assim, o objetivo deste trabalho é a caracterização do secretoma de *Mesocestoides corti* através de ferramentas *in silico*. Para isso, 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, resultando em um total de 639 proteínas. 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. O domínio proteico e a rota metabólica mais frequentes foram “Immunoglobulin-like fold” e “Pathways in cancer”. Nos secretomas preditos de *Echinococcus granulosus*, *Echinococcus multilocularis* e *Taenia solium*, foi realizada a busca de proteínas ortólogas às de *Mesocestoides corti* através da ferramenta OrthoFinder, totalizando 93 proteínas ortólogas comuns às quatro espécies. Comparou-se os resultados dos programas InterPro Scan e KAAS dos secretomas totais entre *M. corti* e cada uma das outras três espécies, identificando-se 232 domínios comuns entre *M. corti* e *E. granulosus* e entre *M. corti* e *E. multilocularis*, e 254 entre *M. corti* e *T. solium*, além de 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*. A partir desses resultados, demonstrou-se similaridades que corroboram *M. corti* como espécie-modelo de cestódeos, podendo ajudar no estudo dos secretomas dos organismos pertencentes ao grupo. Há, porém, muitas diferenças entre as espécies, demonstrando singularidades espécie-específicas de cada parasito que devem variar conforme o hospedeiro infectado.