



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2020: SIC - XXXII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2020
<b>Local</b>	Virtual
<b>Título</b>	Prospecção de proteínas-alvo para desenvolvimento de novas abordagens terapêuticas para a hidatidose cística
<b>Autor</b>	LORENZO ANGHEBEM DE ARAUJO
<b>Orientador</b>	ARNALDO ZAHA

## **Prospecção de proteínas-alvo para desenvolvimento de novas abordagens terapêuticas para a hidatidose cística.**

**Autor: Lorenzo Anghebem de Araujo**

**Orientador: Arnaldo Zaha**

**Instituição: Universidade Federal Do Rio Grande Do Sul (UFRGS)**

Cestódeos são endoparasitas obrigatórios pertencentes ao filo Platyhelminthes, classe Cestoda. No decorrer do seu ciclo de vida infectam diversos hospedeiros causando doenças conhecidas como cestoidíases. No caso das infecções humanas por *Echinococcus* spp, o tratamento por cirurgia e/ou quimioterapia envolve riscos e apresenta baixa eficiência. Há, portanto, carência de novas drogas e estratégias terapêuticas para um melhor tratamento das cestoidíases. Assim, o objetivo do projeto é o estudo de vias de transporte e metabolismo associado ao colesterol como estratégia para identificação de fármacos para tratamento das cestoidíases. A via do mevalonato foi identificada como essencial para o metabolismo de lipídeos em cestódeos e esta foi utilizada como ponto de partida na busca de possíveis enzimas alvo. Identificamos as enzimas desta via que estão presentes no proteoma predito dos cestódeos de interesse, como *Echinococcus granulosus* e *Mesocestoides corti*, e criamos uma biblioteca com 9 possíveis inibidores da enzima escolhida da via. Entre as enzimas, a geranylgeranyl transferase I (GGTI) foi escolhida para análise, pois atua em importantes processos de modificação pós-traducional de proteínas. No genoma de *M. corti* encontram-se 2 genes que codificam a proteína GGTI (MCU\_001297 e MCU\_006127). Na sequência deduzida de aminoácidos identificamos os domínios PPTA e Prenyltrans, característicos das GGTs. Com base na sequência de aminoácidos buscamos por similaridades e diferenças com a GGT humana, uma vez que os inibidores disponíveis são para a GGT humana. O alinhamento mostrou 21% de identidade e 31% de similaridade. As perspectivas são inferir a forma de interação da GGT de *M. corti* com os possíveis inibidores, por meio de modelagem comparativa e *docking*; e experimentos de inibição *in vitro* com o organismo modelo *M. corti* visando analisar a influência no efeito de desenvolvimento do parasito.