



Evento	Salão UFRGS 2018: SIC - XXX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2018
Local	Campus do Vale - UFRGS
Título	ANÁLISE DE PROTEÍNAS HIPOTÉTICAS E NÃO CARACTERIZADAS DE Mycoplasma hyopneumoniae PARA A IDENTIFICAÇÃO DE DETERMINANTES DA PNEUMONIA ENZOÓTICA SUÍNA
Autor	BRYAN AUGUSTO DA ROSA TAVARES
Orientador	HENRIQUE BUNSELMeyer FERREIRA

ANÁLISE DE PROTEÍNAS HIPOTÉTICAS E NÃO CARACTERIZADAS DE *Mycoplasma hyopneumoniae* PARA A IDENTIFICAÇÃO DE DETERMINANTES DA PNEUMONIA ENZOÓTICA SUÍNA

Bolsista de Iniciação Científica: Bryan Augusto da Rosa Tavares

Orientador: Prof.º Henrique B. Ferreira

Laboratório de Genômica Estrutural e Funcional, Centro de Biotecnologia, UFRGS
Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Mycoplasma hyopneumoniae, como um micoplasma típico, é um dos menores organismos autorreplicantes de vida celular independente, com ausência de parede celular e um genoma de tamanho reduzido. Esta bactéria habita o trato respiratório de suínos, sendo o agente etiológico da pneumonia enzoótica suína (PES), doença crônica que gera perdas econômicas significativas à indústria de suínos em todo mundo. Diferentes linhagens de *M. hyopneumoniae* tiveram seus genomas sequenciados, dentre elas, a linhagem 7448, patogênica, e a linhagem J, não patogênica. Os repertórios de proteínas codificadas pelos genomas das linhagens 7448 (681 proteínas) e J (679 proteínas) são bastante similares, sugerindo que a patogenicidade seja determinada por expressão diferencial, por domínios diferenciais entre proteínas ortólogas e/ou por modificações pós-traducionais diferenciais. Resultados proteômicos recentes obtidos pelo nosso grupo de pesquisa forneceram suporte experimental para mais de 60% das sequências de DNA codificadoras (CDSs) anotadas no genoma de *M. hyopneumoniae*. Entretanto, apesar da confirmação experimental de sua expressão, boa parte das proteínas codificadas por estas CDSs (50 de 454, 11%) não apresentam anotação funcional. Além disso, há um número de pelo menos 227 CDSs, que permanecem anotadas como hipotéticas (sem produto detectado experimentalmente). Estes conjuntos de proteínas de função desconhecida ou hipotéticas (totalizando 277 CDSs) podem incluir fatores de virulência ainda não caracterizados. O objetivo geral deste projeto é então a anotação funcional *in silico* destes repertórios de proteínas em *M. hyopneumoniae* 7448, para a identificação de potenciais novos fatores de virulência. Para tanto, foram realizadas análises *in silico* para predições de ortologia, domínios funcionais, localização subcelular, vias de secreção, alergenicidade, toxicidade e associação a virulência. Por meio do programa Blast2GO, 63 CDSs tiveram função e/ou processo biológico associados preditos. Para as outras 214 CDSs ainda sem anotação, realizou-se a busca por domínios funcionais, a qual deu suporte para mais 42 CDSs. No total, foi possível a anotação funcional de 105 CDSs, o que corresponde a uma cobertura de 38% das 277 CDSs analisadas. Foram preditas 255 CDSs (92% das 277) como relacionadas a virulência pelo programa VirulentPred e/ou tiveram ortólogos identificados na Virulence Factors Database, 85 das quais tiveram anotação funcional adicional. As predições de localização subcelular cobriram 88% (243 de 277) das CDSs analisadas, e as preditas como extracelulares (81 CDSs) tiveram suas vias de secreção identificadas. Baseado nos resultados *in silico*, algumas CDSs potencialmente relacionadas a virulência serão selecionadas para caracterização experimental. A caracterização envolverá clonagem e expressão heteróloga das CDSs selecionadas e ensaios funcionais *in vitro* e imunológicos com versões recombinantes.