



Universidade: presente!



XXXI SIC

21. 25. OUTUBRO • CAMPUS DO VALE

Maikel Varal
Orientador: Prof. José Claudio
Fonseca Moreira
Centro de Estudos em Estresse Oxidativo
Departamento de Bioquímica
Universidade Federal do Rio Grande do Sul

A EVOLUÇÃO RECENTE DA REDE IMUNE INTESTINAL DE PRODUÇÃO DE IgA: UMA ABORDAGEM DE BIOLOGIA DE SISTEMAS

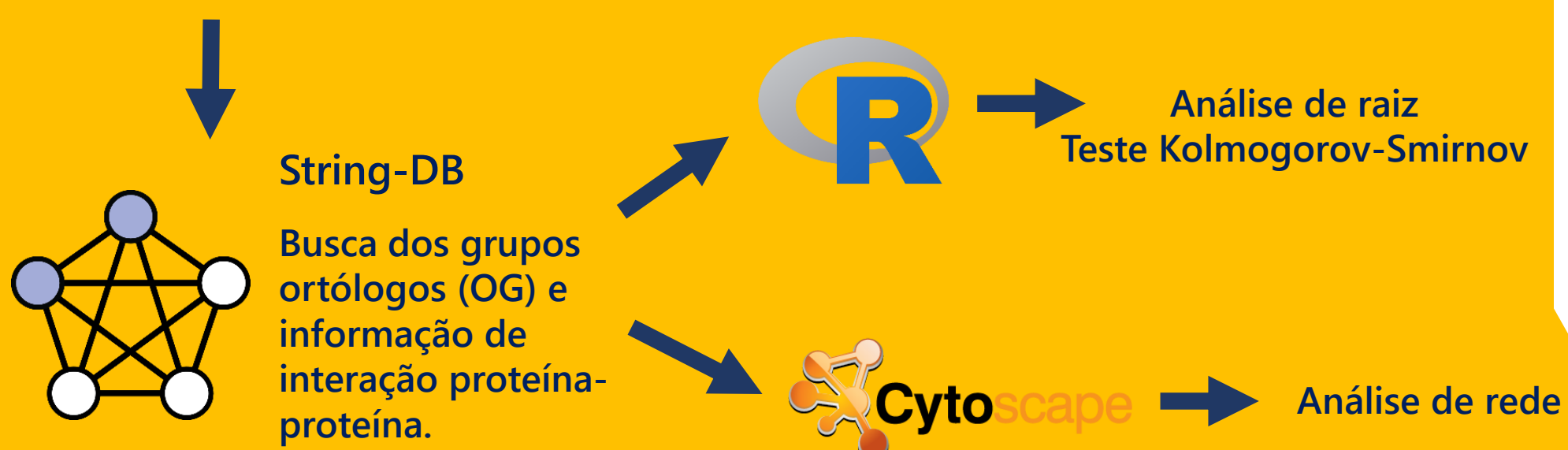
Introdução

O trato digestório humano abriga trilhões de organismos em seu interior. Dada a importância de uma resposta de controle e de tolerância frente aos milhares de microrganismos e antígenos, evolui-se mecanismos específicos de imunidade no intestino. A imunoglobulina A (IgA) é o principal anticorpo secretado nas mucosas, e se liga de forma seletiva aos microrganismos em estados de homeostase e a patógenos. Assim, o objetivo desse trabalho foi investigar, através de uma abordagem de biologia de sistemas, como os genes da rede imune intestinal humana de produção de IgA se inter-relacionam com outros processos do sistema imune adaptativo em termos de surgimento, plasticidade e integração dos processos.

Metodologia



Rede imune intestinal de produção de IgA
Via de sinalização do receptor de células B
Via de sinalização do receptor de células T
Diferenciação Th1 e Th2
Diferenciação em Th17
Sistema imune adaptativo total



Conclusão

Estes resultados indicam que a rede de IgA, muito importante na interação hospedeiro e microbiota, foi uma adaptação secundária do sistema imune adaptativo.

Agências de fomento

Results

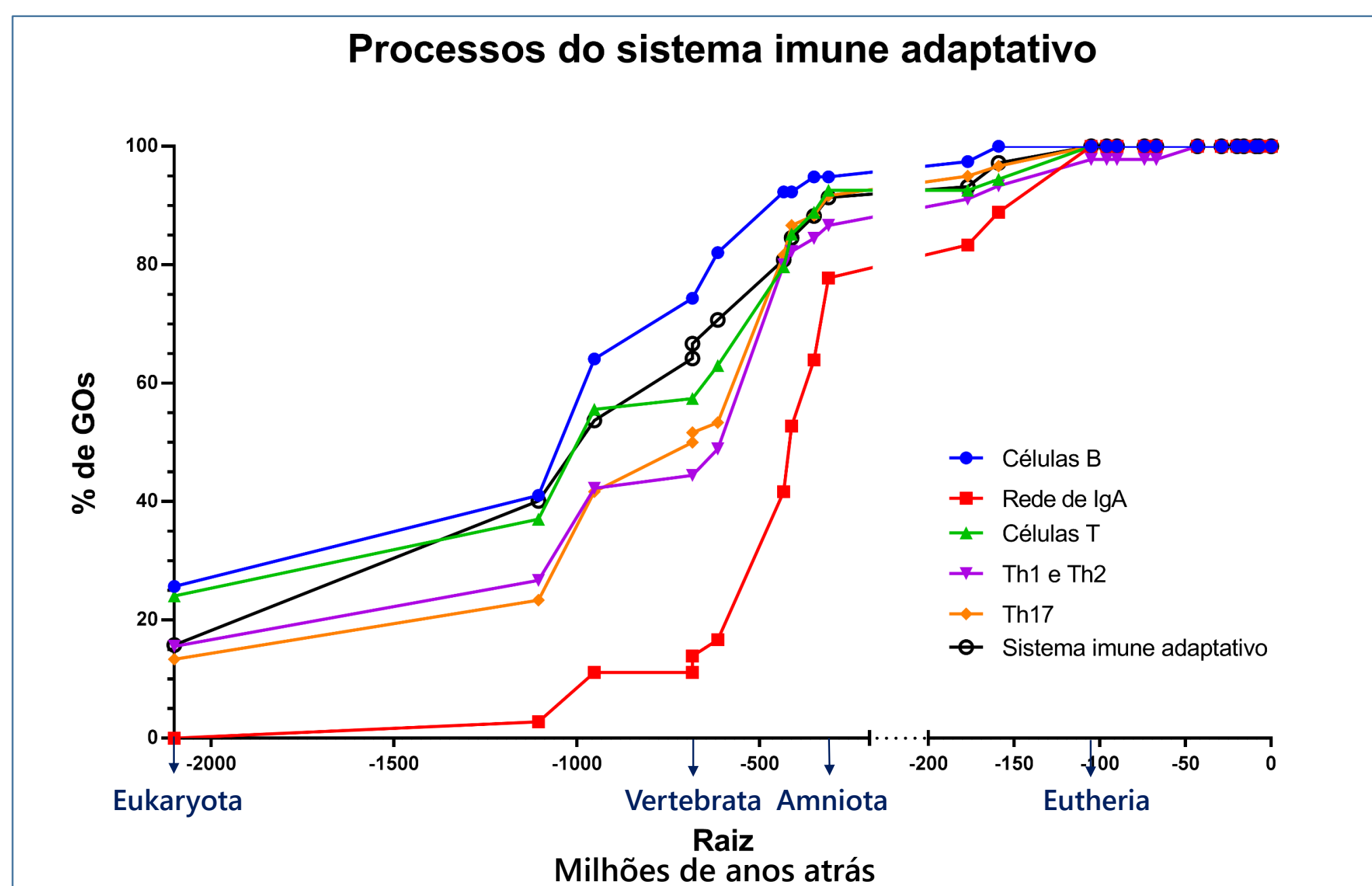


Fig. 1 Porcentagem de grupos ortólogos (GO) pelo tempo que eles apareceram para todos os processos analisados. A análise de raiz mostrou que a rede imune intestinal de produção de IgA é mais recente que todos os outros processos analisados: rede de sinalização de células B ($p < 0,0002$), células T ($p < 0,0002$), diferenciação em Th1 e Th2 ($p < 0,0005$), diferenciação em Th17 ($p < 0,001$), bem como o sistema imune adaptativo total ($p < 0,0005$). As outras vias não apresentaram diferenças entre si. Em Vertebrata, enquanto menos de 20% dos ortólogos da rede de IgA já estavam presentes, a rede de sinalização de células B possuía mais de 80%.

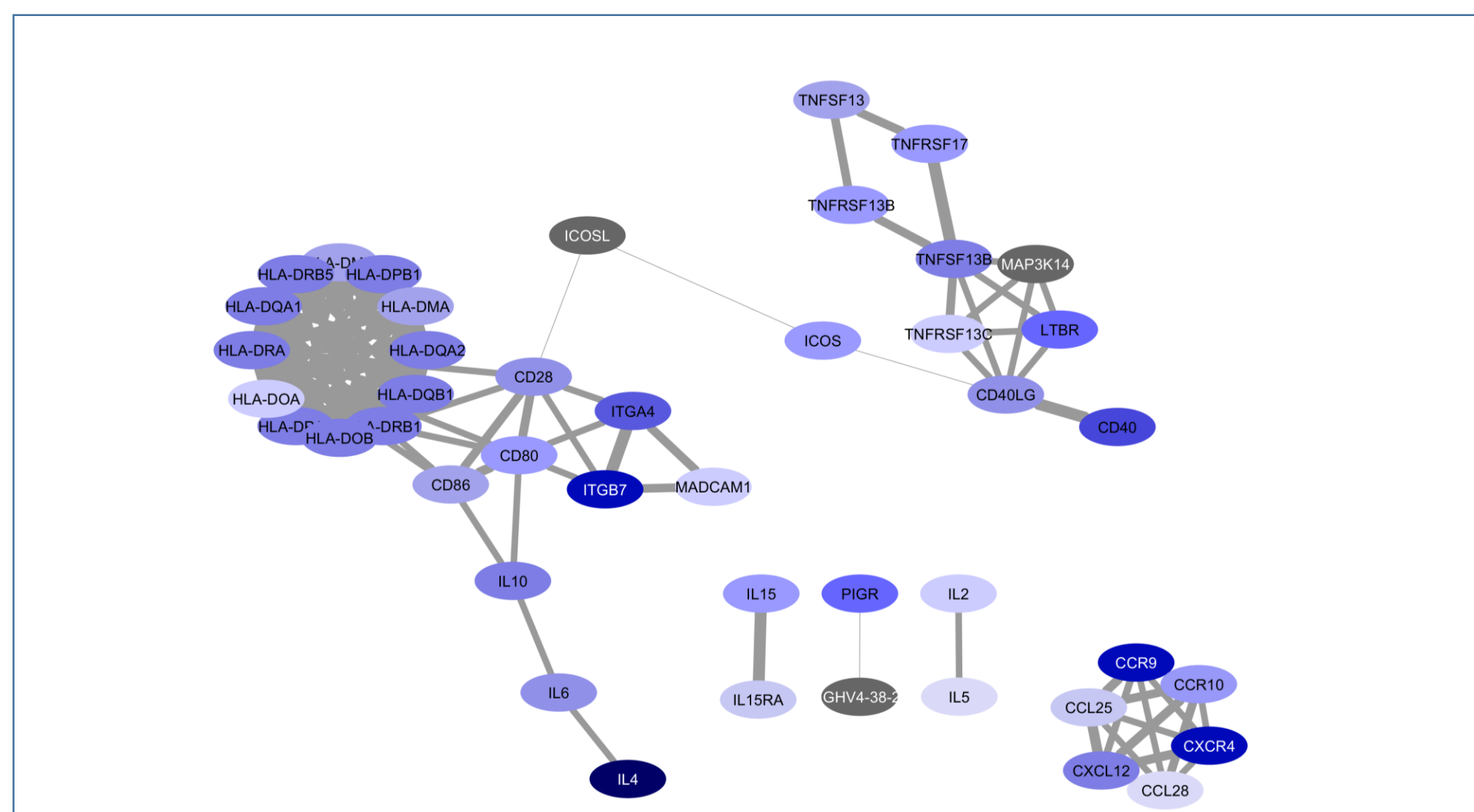


Fig. 2 Rede de interação proteína-proteína da via de IgA. Quanto mais escura é a coloração dos nós, mais antiga a sua raiz. Os nós de cor cinza são aqueles cujas raízes não foram encontradas. A largura dos links de interação representa a magnitude do escore combinado (String-DB).