



XXXV SALÃO de INICIAÇÃO CIENTÍFICA

6 a 10 de novembro

Evento	Salão UFRGS 2023: SIC - XXXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2023
Local	Campus Centro - UFRGS
Título	Análise secretômica de <i>Metarhizium anisopliae</i> permite a identificação de potenciais fatores de virulência e patogenicidade associada ao biocontrole do carrapato bovino <i>Rhipicephalus microplus</i>
Autor	JÚLIA DE FRAGA SANT'ANA
Orientador	WALTER ORLANDO BEYS DA SILVA

O carrapato bovino *Rhipicephalus microplus* causa grande prejuízo econômico mundial anual e, considerando sua já demonstrada resistência a acaricidas químicos, é importante buscar uma alternativa de controle, como o biocontrole mediado pelo fungo *Metarhizium anisopliae*. Neste trabalho, foi analisado o secretoma diferencial de *M. anisopliae* relacionado à infecção do carrapato utilizando duas cepas do fungo, uma virulenta (E6) e outra não virulenta (NE), buscando entender molecularmente o processo que viabiliza a infecção. Para tanto, proteínas secretadas em meios ativando o sistema de infecção induzido por cutícula de carrapato foram identificadas e quantificadas pela técnica de MudPIT, seguido por caracterização dos dados por diferentes ferramentas de bioinformática para a identificação de domínios conservados, localização subcelular e ontologia gênica. Os resultados apresentaram 291 proteínas identificadas sendo 6 exclusivas da cepa E6, 199 exclusivas da cepa NE e 86 em comum entre as cepas. Entre estas 30 foram consideradas estatisticamente diferencialmente expressas, das quais 23 mais expressas na cepa E6. Utilizando o BlastP, foram encontradas 72 proteínas hipotéticas, das quais 8 puderam ser reanotadas e 25 possuíam no mínimo um domínio conservado. A análise de peptídeos-sinal demonstrou predição de sinalização conservada de secreção detectada em no mínimo 3 dos 5 programas utilizados, provando o enriquecimento da amostra do secretoma. Utilizando o OmicsBox-Blast2GO, obteve-se as funções das proteínas quanto ao processo biológico que integram e qual função molecular desempenham, sendo encontradas, respectivamente, mais sequências envolvidas em proteólise (32,25%) e glicohidrolase (21,06%), podendo ter relação com a patogenia do fungo. Concluindo, a amostra utilizada está enriquecida para proteínas secretadas, a alta quantidade de sequências envolvidas em proteólise pode estar ligada ao processo patogênico do fungo e há a perspectiva de análise das proteínas mais abundantemente expressas e que podem ser novos fatores de virulência ou patogenicidade para o carrapato bovino.