



Evento	Salão UFRGS 2013: SIC - XXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2013
Local	Porto Alegre - RS
Título	Caracterização funcional de proteínas expressas na fase larval de <i>Echinococcus granulosus</i> e de interações proteicas relevantes na interface parasito-hospedeiro durante infecção crônica
Autor	SUSANA ASCHIDAMINI FERREIRA
Orientador	HENRIQUE BUNSELMEYER FERREIRA

Echinococcus granulosus é um platelminto da Classe Cestoda, cuja fase larval (cisto hidático ou metacésteo) é causadora da hidatidose cística. O conhecimento sobre as proteínas expressas pelo cisto hidático é de grande importância, para que se possa compreender a relação parasito-hospedeiro, bem como os processos moleculares que viabilizam a sobrevivência do metacésteo em seres humanos e ungulados domésticos. Dentre as proteínas de *E. granulosus* já identificadas na interface parasito-hospedeiro (líquido hidático que preenche o cisto) estão isoformas de proteínas 14-3-3. As proteínas 14-3-3 eucarióticas capazes de interagir com um grande número de proteínas-alvo diferentes, desempenhando assim um papel central em rotas de sinalização celular, regulando funções biológicas complexas, como ciclo celular e apoptose, entre outras. O objetivo deste trabalho é estudar os padrões de expressão de duas isoformas de 14-3-3, Eg14-3-3ε1 e Eg14-3-3ε2, em nível proteico e transcricional, em distintos componentes do cisto hidático.

O padrão de expressão das proteínas Eg14-3-3ε1 e Eg14-3-3ε2 no líquido hidático e em extratos de protoescolices e camada germinativa foi analisado por imunoblot, utilizando anticorpos policlonais específicos para cada isoforma. Dessa forma, foi possível demonstrar a presença de ambas as isoformas em extratos de protoescolices e camada germinativa e apenas da Eg14-3-3ε2 no líquido hidático.

Para análise da expressão dos genes correspondentes em protoescolices, foram realizadas extrações de RNA de utilizando o reagente Trizol. A qualidade das amostras de RNA foi avaliada por eletroforese em gel de agarose, tendo sido observada pouca ou nenhuma degradação. Estas amostras de RNA serão agora utilizadas para padronização de qPCR para quantificação dos níveis de transcrição dos genes codificadores da Eg14-3-3ε1 e Eg14-3-3ε2. Nestes experimentos, serão utilizados como genes de referência com expressão constitutiva, os genes da β-actina, da gliceraldeído-3-fosfato-desidrogenase (GAPDH) e da β-tubulina.

Financiamento: CAPES, CNPq e FAPERGS.