10ª Jornada Científica e Tecnológica
7º Simpósio da Pós-Graduação
INSTITUTOS FEDERAIS 10 ANOS 2008|2018
INSTITUTO FEDERAL Sul de Minas Gerais
ISSN 2319-0124

ANÁLISE DE PROTEÍNAS DA BACTÉRIA *Leptospira interrogans* VISANDO IDENTIFICAÇÃO DE CARACTERÍSTICAS DE PROTEÍNAS EFETORAS

Gabriel B. de OLIVEIRA[1]; Gustavo J. da SILVA[2]; Érica L. ABREU[3]

RESUMO

A bactéria *Leptospira interrogans* é causadora da doença leptospirose. As proteínas secretadas pela bactéria atingem o núcleo da célula do hospedeiro e podem alterar funções celulares. A identificação de proteínas é um processo complexo e não existem ferramentas que indiquem com precisão se uma proteína é efetora ou não. Entendendo esse contexto, este documento propõe a análise de proteínas da bactéria *Leptospira interrogans* para a identificação das características de proteínas efetoras.

Palavras-chave: Biotecnologia; Biologia Molecular; Proteína efetora;.

1. INTRODUÇÃO

A biologia molecular visa o estudo das estruturas e função dos genes do organismo e seus produtos de expressão. Seu estudo consiste no conhecimento dos vários sistemas da célula, desde as relações do DNA, o RNA e a síntese de proteínas, até a forma de regulação dessas interações. Conforme Watson *et al.* (2015), foi possível aplicar conceitos moleculares nas análises de DNA, RNA e proteínas da célula.

As bactérias causadoras de doenças, como a bactéria *Leptospira interrogans*, bactéria causadora da doença leptospirose, secretam no seu hospedeiro proteínas efetoras capazes de interferir nos processos celulares, podendo, inclusive, causar a sua morte. Segundo Vieira (2009), as proteínas secretadas ajudam a causar danos na célula hospedeira em razão da sobrevivência da bactéria.

Portanto, este documento propõe analisar as características das proteínas com potencial para serem proteínas efetoras, secretadas pela bactéria *Leptospira interrogans*, relacionadas a

[1] Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Sul de Minas Gerais – Campus Muzambinho. Muzambinho/MG - E-mail: gabrielbianchin.gb@gmail.com
[2] Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Sul de Minas Gerais – Campus Muzambinho. Muzambinho/MG - E-mail: gustavo.jose@muz.ifsuldeminas.edu.br
[3] Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Sul de Minas Gerais – Campus Muzambinho. Muzambinho/MG - E-mail: erikinha_labreu@hotmail.com

patogenicidade bacteriana, e demonstrar como a bioinformática pode contribuir na análise proteômica.

2. FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

As proteínas efetoras são as proteínas que as bactérias secretam no interior da célula do hospedeiro, podendo alterar as funções celulares. No citoplasma, elas podem inibir a fusão dos lisossomos com os fagossomos e no núcleo elas podem inibir a apoptose. Dessa forma, as bactérias se reproduzem, podendo levar o hospedeiro ao óbito. As proteínas efetoras transportadas por sistemas de secreção variam em estrutura, podendo ser relacionadas em termos de estrutura primária (MCDERMOTT, 2011).

A identificação das proteínas efetoras é essencial para se estudar patogenicidade bacteriana e identificar alvos de drogas para o desenvolvimento de drogas antibacterianas.

3. MATERIAL E MÉTODOS

Primeiramente, concentrou-se o estudo nas análises de bioinformática. As variáveis estudadas foram hidropatia total, hidropatia média, hidropatia do C-terminal, carga do C-terminal, Aminoácidos polares básicos no C-terminal e presença de repetições anquirina.

Após o estudo, foi adquirido o proteoma da bactéria *Leptospira interrogans* através do banco de dados online Genbank. Segundo Benson *et al.* (2013), o Genbank é uma base de dados pública de sequências de nucleotídeos, que foi criada, distribuída e mantida pela National Center for Biotechnology Information (NCBI).

Utilizou-se a ferramenta de Bioinformática HydroCalc Proteome, do grupo de pesquisa de Genética Molecular e Bioinformática da Universidade de Ribeirão Preto, para analisar as características hidropatia total, hidropatia média, hidropatia do C-terminal, carga do C-terminal e Aminoácidos polares básicos no C-terminal. A ferramenta pode ser acessada em http://www.gmb.bio.br/hydrocalc/

Para a análise de repetições de anquirina em proteínas foi utilizada a ferramenta de bioinformática CD-Search, como mostra a Figura 1, que pode ser acessada gratuitamente em http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/bwrpsb/bwrpsb.cgi.

Figura 1: Ferramenta CD-Search para buscar repetições de anquirina.

Em todas as análises os resultados foram observados nas formas gráfica e descritiva, esses recursos são oferecidos pela ferramenta CD-Search.

4. RESULTADOS E DISCUSSÕES

O proteoma da bactéria *Leptospira interrogans* possui 3418 proteínas. A análise na ferramenta HydroCalc Proteome selecionou as proteínas hidrofílicas com índices menores que -200 e 25 aminoácidos no C-terminal. Apresentou-se o resultado com 339 proteínas hidrofílicas. Porém, apenas 53 proteínas atenderam os seguintes critérios:

- Hidropatia total menor que -200;
- Hidropatia média menor que 0;
- Hidropatia no C-terminal menor que 0;
- Carga no C-terminal maior que 0;
- Número de aminoácidos polares básicos no C-terminal maior que 2.

A análise de repetições de anquirina permitiu encontrar 2 proteínas dentre as 339 hidrofílicas. Analisou-se as duas proteínas identificadas com repetições anquirina na ferramenta HydroCalc Proteome. Nota-se que das cinco características analisadas, somente a carga no C-terminal não foi atendida para as duas proteínas. Contudo, as duas proteínas apresentam com potencial para serem efetoras.

Portanto, a análise das características apontou 53 proteínas que atenderam os cinco critérios analisados na ferramenta HydroCalc Proteome e 2 proteínas apresentaram repetições anquirina atendendo quatro critérios analisados na ferramenta HydroCalc Proteome. Assim, essas 55 proteínas podem ser consideradas com potencial para serem efetoras.

5. CONCLUSÕES

A identificação de proteínas com potencial efetora é um processo complexo e não existem ferramentas que apontem com precisão se uma proteína é efetora ou não. As características analisadas apontaram um escopo de possíveis proteínas com potencial para serem efetoras. Essas proteínas podem ser testadas em laboratório.

REFERÊNCIAS

BENSON, D.A. et al. **GenBank, Nucleic Acids Research.** Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3531190/>. Acesso em: 03 de maio 2018.

MCDERMOTT, J. E. et al. **Computational prediction of type III and IV secreted effectors in gram-negative bacteria.** Infect Immun, 79(1): p. 23-32, 2011.

VIEIRA, Mônica Aparecida Midolli. Ilhas de patogenicidade. **O mundo da saúde**, v. 33, n. 4, p. 406-414, 2009.

WATSON, James D. et al. **Biologia molecular do gene**. Artmed Editora, 2015.