

Avaliação do perfil de localização celular e caracterização dos múltiplos parálogos de gp63 de *Leishmania braziliensis*

Mayara Souza Barbalho¹; Artur Leonel de Castro Neto²; Adriana Neuman Albuquerque Lins Moura de Brito³; Osvaldo Pompílio de Melo Neto⁴; Franklin Barbalho Magalhães⁵

Mestranda no Programa de Pós-Graduação em Biociências e Biotecnologia, CPqAM, FIOCRUZ, PE, Brasil (e-mail: maymaybarbalho@gmail.com) ¹; Doutorando no Programa de Pós-Graduação em Genética da UFPE, PE, Brasil²; Bolsista CPqAM, FIOCRUZ, PE, Brasil³; PhD, Pesquisador CPqAM, FIOCRUZ, PE, Brasil⁴; PhD, Professor Faculdade ASCES, PE, Brasil⁵;

Os tripanosomatídeos são protozoários flagelados, pertencentes à ordem Kinetoplastida, família Trypanosomatidae, que apresentam como principais representantes os gêneros *Trypanosoma* e *Leishmania*. A leishmaniose é considerada um problema de saúde pública, com registro de cerca de 1 a 1,5 milhões de casos notificados anualmente. Dentre as variadas espécies causadora da leishmaniose cutânea e mucocutânea a de maior relevância é a *Leishmania braziliensis*. Vários mecanismos de escape do sistema imunológico já foram identificados através dos estudos da biologia do parasito e da relação parasito e hospedeiro. Um desses mecanismos está relacionado a proteína GP63, glicoproteína mais abundante na superfície celular, que desempenha o papel de inativar a cascata do sistema complemento e clivar proteínas da matriz extracelular do hospedeiro constituindo um importante fator de virulência. O presente estudo pretende avaliar e caracterizar múltiplos parálogos de GP63 de *Leishmania braziliensis*. Sendo assim, a metodologia se inicia com a escolha de diferentes parálogos de gp63, extração do DNA genômico, amplificação dos genes, clonagem e subclonagem e expressão em *E.coli*, produção de anticorpos em coelhos e análise por gel 2D. Em relação a sua organização gênômica foi observado uma diferença significativa na quantidade dos genes de GP63 em *Leishmania braziliensis*, quando comparado as outras espécies, apresentando 33 genes no cromossomo 10, enquanto que a *Leishmania major* 6. Diferentes 7 parálogos já foram obtidos, e 3 deles foram expressos em *E.coli*. Embora este resumo apresente resultados preliminares, almejamos investigar como ocorre a expressão diferenciada desses parálogos e qual o motivo para este número tão significativo deste gene para esta espécie.

Palavras chaves: gp63, *Leishmania braziliensis*, leishmaniose cutânea

Apoio: FACEPE