

Estudo de genes envolvidos na relação parasita-hospedeiro na esquistossomose

Pesquisador responsável: [Ricardo De Marco](#)  

Beneficiário: [Ricardo De Marco](#)  

Instituição-sede da pesquisa: [Instituto de Física de São Carlos \(IFSC\). Universidade de São Paulo \(USP\). São Carlos, SP, Brasil](#)

Área do conhecimento: [Ciências Biológicas](#) - [Bioquímica](#) - [Biologia Molecular](#)

Linha de fomento: [Auxílio à Pesquisa - Apoio a Jovens Pesquisadores](#)

Processo: 08/03181-8

Vigência: 01 de setembro de 2008 - 31 de agosto de 2012

Bolsa(s) vinculada(s): [12/04369-6 - Caracterização das estruturas de proteínas codificadas por genes de micro-exon \(MEG\) de Schistosoma mansoni: MEG 5 e MEG 8.2, BP.MS](#)

[12/07288-7 - Estudo da estrutura, imunorreatividade e parceiros protéicos de proteínas codificadas por genes de micro-exons de Schistosoma mansoni, BP.DD](#)

[11/09293-5 - Identificação de interações protéicas entre o produto protéico de MEG14 \(gene de micro-exons\) de Schistosoma mansoni e proteínas leucocitárias humanas, BP.IC](#)

[+ mais bolsas vinculadas](#)

Publicação FAPESP sobre o auxílio: http://media.fapesp.br/bv/uploads/pdfs/Investindo...pesquisadores_75_94_94.pdf

Assunto(s): [Tegumento animal](#) [Relações hospedeiro-parasita](#) [Esquistossomose](#) [Schistosoma mansoni](#) [Genes](#) [Sequenciamento genético](#)

Resumo

Este projeto tem como objetivo estudar genes que codificam proteínas que se encontram na interface parasitahospedeiro ou são secretadas. Inicialmente, será realizado um estudo de sequenciamento em larga escala, buscando caracterizar transcritos enriquecidos nos tecidos da superfície do parasita. Para isso, se estabelecerá um protocolo para extração diferencial de RNA e sequenciamento em larga escala de RNA de frações de superfície do parasita adulto, macho e fêmea. Comparação destes dados com os obtidos para vermes inteiros permitirá a determinação de transcritos enriquecidos na superfície do parasita. Paralelamente, será realizado o sequenciamento direcionado dos transcritos gerados a partir de genes de microexons, uma nova classe de genes em Schistosoma mansoni ainda não caracterizada. Estes genes são compostos de exons extremamente curtos e codificam proteínas secretadas. A caracterização preliminar, realizada por nós, indica que esses genes geram uma grande variedade de transcritos por meio de splicing alternativo. Desse modo, serão realizados experimentos de RT-PCR com primers específicos e sequenciamento utilizando RNA de diversos estágios do parasita, com o objetivo de caracterizar a expressão diferencial de formas alternativas desses transcritos ao longo do ciclo de vida do parasita. Depois disso, se realizará a expressão das principais isoformas de algumas PCMs (proteínas codificadas por microexon genes) em sistema heterólogo para caracterização de propriedades biofísicas, ensaios para esclarecer a função destas proteínas, e ensaios de Western blot e imunolocalização para a confirmação da localização dessas proteínas no tegumento do parasita adulto. A implementação deste projeto permitirá o estabelecimento de uma linha de estudo de transcriptomas no Departamento de Física e Informática do IFSC-USP. Essa linha de pesquisa permitirá a descrição de transcritos de interesse no estudo da esquistossomose, cujos produtos proteicos poderão ser futuramente estudados através de colaborações com outros membros do departamento, que possui uma tradição na expressão heteróloga e estudos

estruturais de proteínas. (AU)

CDi/FAPESP - Centro de Documentação e Informação da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo

R. Pio XI, 1500 - Alto da Lapa - CEP 05468-901 - São Paulo/SP - Brasil
cdi@fapesp.br - [Converse com a FAPESP](#)