

Tripanossomatídeos de interesse veterinário: comparação do secretoma de *Trypanosoma evansi* e *T. equiperdum* com novas perspectivas para diferenciação molecular

COUTINHO, CINTHIA C.¹; MENDES, ANA CLARA¹; NAJERA, CARLOS A.²; AZEVEDO, GUILHERME. M.³; LEFKADITIS, ANA PAULA C.³; CAMPOS, MARIA EDUARDA F.³; SILVA, ISABELLA A. M.³; BAHIA, DIANA⁴.

¹ Discentes do Programa de Pós-Graduação em Genética – Universidade Federal de Minas Gerais;

² Departamento de Genética, Ecologia e Evolução – Universidade Federal de Minas Gerais;

³ Discentes de Graduação - Universidade Federal de Minas Gerais

⁴ Professora orientadora do departamento de Genética, Ecologia e Evolução - Universidade Federal de Minas Gerais.

RESUMO: *Trypanosoma evansi* e *T. equiperdum* são protozoários extracelulares monomórficos do subgênero *Trypanozoon*. Filogeneticamente próximos e morfologicamente indistinguíveis, ambas as espécies são de interesse veterinário por infectarem equinos e causarem as doenças Surra e Durina, respectivamente. Apesar das similaridades, ambas apresentam diferentes interações com o hospedeiro e quadros clínicos distintos. Nesse contexto, o estudo do secretoma desses patógenos pode ser relevante ao analisar proteínas secretadas associadas à interação com o hospedeiro, orientando assim experimentos voltados ao diagnóstico e a tratamento específicos. Este estudo teve como objetivo comparar os secretomas preditos de *T. evansi* e *T. equiperdum*. Os proteomas preditos de *T. evansi* STIB805 e *T. equiperdum* OVI foram recuperados do banco de dados TriTrypDB v.68. O secretoma foi predito por SignalP 6.0 para identificação de peptídeo sinal e TargetP 2.0, bem como DeepLoc 2.1 para predição de localização subcelular. DeepTMHMM 1.0 e PredGPI 1.0 foram utilizados para a exclusão de proteínas ancoradas à membrana plasmática. As proteínas resultantes foram então classificadas em grupos ortólogos com OrthoVenn3 e os termos GO foram analisados com WEGO 2.0. O secretoma predito de *T. equiperdum* apresentou 252 proteínas, enquanto o de *T. evansi* apresentou 81. As espécies compartilharam 36 grupos ortólogos, contendo proteínas como proteases de cisteína, homólogas de Gp63 e glucosidases. Foram identificados 26 grupos ortólogos internos em *T. equiperdum* e 5 em *T. evansi*. Em *T. equiperdum*, 120 proteínas não apresentaram ortologia, enquanto *T. evansi* apresentou 32 proteínas exclusivas. Entre as proteínas exclusivas de *T. evansi*, destacam-se a MSP-C (protease de superfície principal), uma proteína de choque térmico e a isoforma EP3-2 de prociclina. Em *T. equiperdum*, predominam proteínas hipotéticas e VSGs (glicoproteínas de superfície variantes),

além de tioredoxina, uma proteína com domínio DUF1619 e outra com domínio saposina B, além da proteína 18 enriquecida no proteoma de superfície. Ambas as espécies apresentaram peptidil-prolil isomerases de classes distintas: tipo ciclofilina em *T. equiperdum* e tipo FKBP em *T. evansi*. A análise de ontologia genética das proteínas de *T. equiperdum* indicou Processos Biológicos como interação interespecífica entre organismos (GO:0044419), processo multi-organismos (GO:0051704) e resposta a estímulos (GO:0050896). Já *T. evansi* apresentou adesão biológica (GO:0022610) e Funções Moleculares como atividade de hidrolase (GO:0016787) e ligação de derivado de carboidratos (GO:0097367). Esses resultados reforçam a hipótese de que *T. equiperdum* e *T. evansi* ativam vias biológicas distintas durante a infecção, possivelmente relacionadas às diferenças de seus quadros clínicos. Tais diferenças podem servir como base para futuros estudos experimentais sobre o diagnóstico diferencial de tripanossomatídeos equinos.

AGÊNCIAS DE FOMENTOS: CNPq, CAPES, FAPEMIG.

PALAVRAS-CHAVE: *Trypanozoon*; Surra; Durina; genômica comparativa; interação patógeno-hospedeiro.

