



## VARIAÇÃO FILOGENÉTICA DA ISOFORMA 4 DA PROTEÍNA H11 DE HAEMONCHUS CONTORTUS

Autor(es): , Aline Felix, Juliana Bana Ishii, Simone Cristina Méo Niciura, Cecília José Veríssimo, Ursula Yaeko Yoshitani, Carolina Lorena Hohl Abrahao, Raquel Castaño Zubieta, Amilcar Arenal Cruz, Marcelo Beltrão Molento

- » **Área de pesquisa:** Helmintologia
- » **Instituição:** Laboratório de Doenças Parasitárias - UFPR
- » **Agência de fomento e patrocinadores:** CNPq, CAPES, Myleus Biotechnology, INCT-Pecuária e UFPR

*Haemonchus contortus* é o parasito mais prevalente e economicamente importante em ruminantes no mundo. O desenvolvimento de uma vacina representa a melhor alternativa para o controle parasitário. Resultados promissores na caracterização de antígenos protetores do *H. contortus* foram obtidos pela imunização de ovinos com a proteína do complexo H11, presente nas microvilosidades de células intestinais do parasito. O objetivo do trabalho foi determinar a variação filogenética da isoforma 4 do gene da proteína H11 em *H. contortus* oriundos do estado de São Paulo. Duas amostras de fezes foram colhidas de 8 ovinos de 20 propriedades. A extração do DNA das larvas foi obtida com a técnica de fenol-clorofórmio. Primers específicos foram utilizados para amplificar fragmentos com 713 pb e 550 pb. Após purificação, os produtos foram sequenciados (Myleus Biotechnology, MG) por eletroforese capilar (ABI-3130). O alinhamento das sequências foi feito com o algoritmo ClustalW no programa Vector NTI Suite 7 para as regiões da H11. Foi observado baixos níveis de diversidade molecular e estrutura genética em H11, com uma média de 95,5% de identidade entre amostras, bem como com o gene de referência FJ481146.1 do GenBank. Foram identificados 21 polimorfismos de nucleotídeo único (Single Nucleotide Polymorphism-SNP), um localizado em região codificante (éxon), seis em regiões não codificantes (íntrons) e 14 não codificados ou com baixa importância. Foram observadas três substituições do tipo transição, sendo uma entre purinas e duas entre pirimidinas e quatro do tipo transversão, sendo duas entre A e C e uma entre G e T. Os dados indicam a baixa variação e migração genética em populações do *H. contortus*, podendo ter implicações importantes para o desenvolvimento de uma vacina recombinante com o uso da isoforma 4 da H11 e que tenha ampla eficácia no Brasil e nas Américas, proporcionando assim, um controle parasitário efetivo.

Imprimir

Fechar