

# ANÁLISES *IN SILICO* E DE EXPRESSÃO GÊNICA DA LIPINA E QUINASE DE CORPÚSCULOS LIPÍDICOS DE *Leishmania spp*

Matheus Oliveira Sousa<sup>1</sup>, Beatriz Lorrany de Araújo Carvalho<sup>2</sup> Théo de Araújo Santos<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Discente do Centro das Ciências Biológicas e da Saúde (CCBS/UFOB, Barreiras-Ba/Brasil),  
[matheus.s8930@ufob.edu.br](mailto:matheus.s8930@ufob.edu.br).

<sup>2</sup>Discente do Centro das Ciências Biológicas e da Saúde (CCBS/UFOB, Barreiras-Ba/Brasil),  
[beatriz.c9713@ufob.edu.br](mailto:beatriz.c9713@ufob.edu.br).

<sup>3</sup>Docente do Centro das Ciências Biológicas e da Saúde (CCBS/UFOB, Barreiras-Ba/Brasil),  
[theo.santos@ufob.edu.br](mailto:theo.santos@ufob.edu.br).

**Introdução:** Parasitos do gênero *Leishmania* possuem organelas denominadas corpúsculos lipídicos (CL), os quais atuam como fatores de virulência. No entanto, poucas enzimas responsáveis pela sua biogênese são conhecidas, não sendo ainda determinado se existe diferença na expressão gênica entre as espécies de *Leishmania* e a estrutura dessas proteínas. **Objetivo:** Neste estudo, foi feita a análise *in silico* e de expressão gênica da lipina (*lpn*) e quinase de corpúsculos lipídicos (*ldk*), proteínas que estão relacionadas com a biogênese de CLs em diferentes espécies de *Leishmania*. **Metodologia:** Para isto, realizou-se comparações dos genes *in silico*, tais como alinhamento, análises filogenéticas, construção de estruturas tridimensionais das proteínas codificadas por estes e alinhamento estrutural para identificação de alterações estruturais das proteínas, além de *docking* macromolecular de LDK. Em seguida, foram desenhados oligonucleotídeos iniciadores para amplificação dos genes *ldk* e *lpn*. Por fim, a análise comparativa da expressão dos genes identificados foi feita por meio da técnica de RT-qPCR a partir de amostras de mRNA previamente extraídas de cultivos axênicos de *L. amazonensis*, *L. braziliensis* e *L. infantum*. **Resultados:** Assim, constatou-se que há diferença estatisticamente significativa nos níveis de expressão gênica de *ldk* e *lpn* em *L. braziliensis* se comparado com *L. amazonensis* e *L. infantum*. Além disso foram previstas com relativo êxito as estruturas tridimensionais de LDK e LPN e as regiões de interação LDK-LDK, de forma a ser proposto um modelo de biogênese de corpúsculo lipídico em *Leishmania*. **Conclusões:** Os dados sugerem diferenças nos níveis de expressão gênica dessas proteínas possivelmente relacionados com a formação de corpúsculos lipídicos em *Leishmania spp*, com as mutações se apresentando de modo similar em espécies com mesmo tropismo no hospedeiro. Acreditamos que essas observações podem auxiliar no entendimento das diferentes formas clínicas da leishmaniose pelo aumento da compreensão da biologia do parasito.

**Palavras-chave:** Corpúsculos lipídicos. *Leishmania*. Expressão gênica. Bioinformática.

**Agência Financiadora:** CNPq.