



**Universidade:
presente!**

UFRGS
PROPEAQ



XXXI SIC

21. 25. OUTUBRO • CAMPUS DO VALE

Evento	Salão UFRGS 2019: SIC - XXXI SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2019
Local	Campus do Vale - UFRGS
Título	A EVOLUÇÃO RECENTE DA REDE IMUNE INTESTINAL DE PRODUÇÃO DE IgA: UMA ABORDAGEM DE BIOLOGIA DE SISTEMAS
Autor	MAIKEL VARAL
Orientador	JOSE CLAUDIO FONSECA MOREIRA

A EVOLUÇÃO RECENTE DA REDE IMUNE INTESTINAL DE PRODUÇÃO DE IgA: UMA ABORDAGEM DE BIOLOGIA DE SISTEMAS

Autor: Maikel Varal

Orientador: José Cláudio Fonseca Moreira
Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Os milhares de micro-organismos que habitam o trato digestivo humano são importantes em diversos processos fisiológicos do hospedeiro. A resposta imune adaptativa, além de permitir o reconhecimento específico com diversidade, pode reprimir ou estimular respostas imunes locais. A imunoglobulina A (IgA) é o principal anticorpo secretado nas mucosas, e a sua síntese é regulada por diversos mecanismos. Apesar de se saber que a IgA está presente em mamíferos, répteis e aves, é importante elucidar o cenário e as raízes evolutivas deste processo e seus diferentes mecanismos de síntese. Dessa forma, a abordagem de biologia de sistemas se encaixa nesse contexto, permitindo uma análise holística dos processos. O objetivo do trabalho foi analisar como a rede imune intestinal de síntese de IgA (rede de IgA) evoluiu e se relaciona com outros processos do sistema imune adaptativo. Os genes que compõem a rede de IgA foram coletados no banco de dados Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG – genome.jp/kegg). Dentre os outros processos do sistema imune adaptativo comparados estão: sinalização dos receptores das células B, células T, diferenciação em Th1 e Th2, Th17 (KEGG – genome.jp/kegg) e os genes totais do sistema imune adaptativo (Reactome – reactome.org). Na base de dados String DB (string-db.org), foram buscados os grupos ortólogos respectivos de cada gene. No programa R, através do pacote *geneplast*, foram inferidos o surgimento de cada grupo de genes, baseado na distribuição dos ortólogos e seu cenário mais parcimonioso. Os dados foram analisados através do teste Kolmogorov-Smirnov no programa GraphPad Prism 7. Os resultados demonstram que a rede imune intestinal para síntese de IgA é mais recente que as redes de sinalização de linfócitos B ($p < 0,0002$), linfócitos T ($p < 0,0002$), diferenciação em Th1 e Th2 ($p < 0,0005$), e diferenciação em Th17 ($p < 0,001$), bem como o sistema imune adaptativo como um todo ($p < 0,0005$). Nenhum destes outros processos apresentaram diferenças significativas entre si. Enquanto a rede de IgA possuía menos de 20% de seus ortólogos na base de Vertebrata, a rede de sinalização de células B já apresentava mais de 80%. Isso indica que essa via é uma das mais recentes dentre os processos do sistema imune adaptativo, apresentando uma dinâmica de acréscimo acentuado entre a base de Vertebrata e Eutheria, onde todos os ortólogos já estavam presentes. A evolução repentina desse processo sugere forte pressão seletiva, provavelmente dada pela dinâmica parasita-hospedeiro, bem como pela repressão de respostas imunes contra micro-organismos comensais. Mais estudos são necessários para compreender os processos pelos quais a IgA é sintetizada, bem como a manifestação da interação deste processo a nível molecular.