



XXXIII SIC SALÃO INICIAÇÃO CIENTÍFICA

Evento	Salão UFRGS 2021: SIC - XXXIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2021
Local	Virtual
Título	Avaliação do potencial da ezetimiba para o reposicionamento como anti-helmíntico para o tratamento de cestodíases
Autor	ISABELA CAVALCANTE SCHAMES
Orientador	HENRIQUE BUNSELMEYER FERREIRA

Avaliação do potencial da ezetimiba para reposicionamento como anti-helmíntico para o tratamento de cestodíases

Isabela Cavalcante Schames^{a,b}, Jeferson Camargo de Lima^{b,c} & Henrique Bunselmeyer Ferreira^{b,c,d}.

^a Curso de Ciências Biológicas, Instituto de Biociências, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Porto Alegre, RS, Brasil.

^b Laboratório de Genômica Estrutural e Funcional, Centro de Biotecnologia, UFRGS, Porto Alegre, RS, Brasil.

^c Programa de Pós-Graduação em Biologia Molecular e Celular, Centro de Biotecnologia, UFRGS, Porto Alegre, RS, Brasil.

^d Departamento de Biologia Molecular e Biotecnologia, Instituto de Biociências, UFRGS, Porto Alegre, RS, Brasil.

Cestódeos (Platyhelminthes, Cestoda) são endoparasitos obrigatórios que infectam humanos e animais domésticos, causando doenças de relevância médica e veterinária (cestodíases). As formas de tratamento disponíveis para as cestodíases são arriscadas ou de eficácia limitada. Assim, tem-se buscado por novos fármacos anti-helmínticos. Nesse contexto, o reposicionamento de fármacos é uma das abordagens possíveis, por ser uma estratégia relativamente mais rápida e de menor custo. Cestódeos não sintetizam colesterol *de novo* sendo este absorvido do hospedeiro. Assim, um potencial alvo para reposicionamento de fármacos seria a proteína Niemann-Pick C1-Like 1 (NPC1L1), que medeia a absorção de colesterol nas células. Este transportador é inibido pelo fármaco ezetimiba, utilizado para tratar hipercolesterolemia. Por isso, a ezetimiba está sendo avaliada quanto ao seu potencial para reposicionamento como anti-helmíntico para tratamento de cestodíases. Inicialmente, realizamos buscas *in silico* de gene(s) codificador(es) da NPC1L1 no genoma do cestódeo-modelo *Mesocestoides corti*, usando como sonda a sequência ortóloga humana. Identificamos dois potenciais genes codificadores de NPC1L1 (*McNPC1L1-1* e *McNPC1L1-2*). Com a análise das sequências de cDNA correspondentes disponíveis, identificamos duas potenciais isoformas de NPC1L1 codificadas pelo gene *McNPC1L1-1* (McNPC1L1-1A, com 1373 aa e 21 éxons; McNPC1L1-1B, com 1282 aa e 19 éxons) e uma codificada pelo gene *McNPC1L1-2* (McNPC1L1-2, com 1319 aa e 21 éxons). As proteínas preditas McNPC1L1-1A, McNPC1L1-1B e McNPC1L1-2 apresentam, respectivamente, 30,54%, 29,19% e 28,78% de identidade com a ortóloga humana. As três proteínas preditas apresentam o domínio NPC1-like, indicando que seriam verdadeiras NPC1L1's. Será agora avaliado o grau de conservação evolutiva da NPC1L1 entre cestódeos e será feita a modelagem molecular das NPC1L1 de *M. corti*. Com os modelos a serem gerados serão preditas e avaliadas as possíveis interações destas proteínas do parasito com a ezetimiba. Serão feitos também ensaios *in vitro* para avaliação dos possíveis efeitos da ezetimiba sobre larvas de *M. corti*.

Financiamento: CNPq, CAPES e FAPERGS.