

**BIOFÍSICA**

089

**Identificação e caracterização molecular de proteínas quinases de *Trypanosoma cruzi* para o estudo da comunicação celular, modelagem molecular e desenho de drogas inibidoras: estudo dos parceiros das vias de sinalização focado na invasão de EA**

Diana Bahia

Escola Paulista de Medicina

Universidade Federal de São Paulo (Unifesp)

Processo 2007/50551-2

Vigência: 1/8/2007 a 31/7/2011

As proteínas quinases (PKs) compreendem uma grande família de enzimas que medeiam a resposta de células eucarióticas a estímulos externos. As PKs são moléculas-chave em várias vias de transdução de sinal, em eucariotos; estão envolvidas em diferentes cascatas de sinalização que controlam diversos processos biológicos, tais como a adesão, alteração no citoesqueleto, migração, proliferação, diferenciação, comunicação celular e sobrevivência. A doença de Chagas é causada pelo tripanosomatídeo *Trypanosoma cruzi* e afeta entre 16 e 18 milhões de indivíduos, matando de 10% a 20% dos infectados na América Latina. Há poucas drogas eficazes disponíveis no mercado e estas são bastante tóxicas. A fim de levar a cabo a total erradicação de sua transmissão no continente americano, a Organização Mundial da Saúde (OMS) lista temas de pesquisa prioritários, entre eles novos alvos de drogas e vacinas. Para alcançar o objetivo, uma estratégia racional de desenho de drogas vem sendo desenvolvida, tendo como escopo moléculas envolvidas em transdução de sinal, especificamente PKs. Pouquíssimas PKs foram caracterizadas em *T. cruzi*, apesar de estar comprovado que vias de sinalização são ativadas quando da invasão do parasita no hospedeiro. O presente projeto visa caracterizar, no nível molecular, PKs de *T. cruzi*, notadamente de formas amastigotas extracelulares (EA), bem como achar parceiros nas vias de transdução de sinal dessas quinases visando à elucidação dos mecanismos de infectividade de formas EA de *T. cruzi*. Como evidências mostram que as vias de sinalização dessas formas diferem entre cepas e das outras formas do parasita, o estudo mais aprofundado de quinases em EA já se justifica em termos do entendimento da biologia do parasita e sua relação com o hospedeiro. A identificação e caracterização de moléculas sinalizadoras em EA podem constituir uma maneira de entender o processo biológico e até, futuramente, ser um modelo de como interferir, por meio de desenho de compostos inibidores, na infectividade dessa forma de vida do parasita. Com a recente conclusão dos genomas do chamado complexo *Trityps* – *Trypanosoma brucei*, *Trypanosoma cruzi* e *Leishmania major* –, as diretrizes científicas serão

alteradas e a genômica funcional será indubitavelmente crucial na identificação de alvos proteicos para a realização de genômica estrutural e desenvolvimentos de novos agentes quimioterápicos.

090

**Centro emergente de RMN de biomoléculas**

Roberto Kopke Salinas

Instituto de Química

Universidade de São Paulo (USP)

Processo 2006/61091-0

Vigência: 1/6/2007 a 31/5/2011

O projeto envolve o uso de técnicas modernas de RMN aplicadas à solução de estruturas de macromoléculas biológicas e ao estudo de interações entre elas. Também envolve o uso de estratégias computacionais, em especial *docking* e dinâmica molecular, como ferramentas complementares aos estudos experimentais. Entre os sistemas em interesse estão proteínas relacionadas à patogenicidade de *Xanthomonas citri* e a tropomiosina de músculo esquelético. Com relação a *Xanthomonas*, a ideia é compreender os mecanismos moleculares que podem levar à patogenicidade. A compreensão desses mecanismos no nível molecular é essencial para se buscar meios eficientes de combate às infecções causadas em plantas cítricas. No futuro, esse centro emergente de RMN de biomoléculas estará disponível para uma gama ampla de colaborações dentro do próprio instituto e para outros centros de pesquisa na cidade de São Paulo, além de ampliar o pequeno grupo de centros especializados que atuam nessa área no país.

091

**Mecanismos de ligação: as células e fusão das membranas do vírus da dengue**

Avram Michael Slovic

Laboratório Nacional de Luz Síncrotron (LNLS)

Associação Brasileira de Tecnologia de Luz Síncrotron (ABTLuS)

Ministério da Ciência e Tecnologia

Processo 2006/60664-6

Vigência: 1/9/2007 a 30/11/2008

A febre da dengue é causada por um vírus da família Flavivírus, que infectou mais de 50 milhões de pessoas apenas no ano de 2005 e apresenta maior incidência no Brasil. Apesar de ser um problema epidêmico, não existe vacina nem terapia eficiente para combatê-lo. Os Flavivírus infectam o hospedeiro por meio da fusão de suas membranas com as da célula, a partir de vesículas endocíticas acidificadas, liberando o seu material genético. Apesar das informações estruturais disponíveis sobre a