

A TEORIA DO RELÓGIO MOLECULAR: UM ESTUDO COMPARATIVO DE PROTEÍNAS PRIÔNICAS DE DIFERENTES ESPÉCIES UTILIZANDO FERRAMENTAS DE BIOINFORMÁTICA (APOIO UNIP)

Aluno: Eduardo Nascimbem Turini

Orientador: Prof. Dr. Renato Massaharu Hassunuma

Curso: Medicina Veterinária

Campus: Bauru

Os príons são proteínas produzidas por diferentes células animais. Sua forma normal (PrP^c) é expressa em vários tecidos, estando presente principalmente na membrana plasmática dos neurônios. Sua isoforma mutante, a proteína priônica scrapie (PrP^{sc}), é responsável por causar diversas doenças neurodegenerativas fatais em humanos e animais. Com o objetivo de comparar as estruturas primárias de príons de diferentes espécies animais, foi realizado o levantamento de arquivos PDB, referentes a príons de diferentes espécies no *site Protein Data Bank*. A estrutura primária dessas proteínas foi analisada e comparada duas a duas utilizando a ferramenta *Sequence & Structure Alignment*, disponível no *site Protein Data Bank*. Por meio do alinhamento de resíduos pelo método de Needleman-Wunsch, foi possível verificar número de resíduos idênticos, similares, discrepantes, e áreas indicando inserção/deleção das proteínas comparadas entre si. Os príons que apresentaram maior semelhança entre si foram o do gato e do cachorro (96,40%) e de boi e de humano (92,86%); os que apresentaram maior discrepância foram os príons de sapo e de camundongo (33,93%). Os resultados obtidos permitiram concluir que espécies mais próximas evolutivamente apresentam maior número de resíduos de aminoácidos idênticos e espécies mais distantes, maior porcentagem de resíduos não idênticos. Assim sendo, pode-se concluir que os príons aparentam ser um modelo apropriado para o estudo da teoria do relógio molecular, o que pode contribuir com futuras investigações que visem compreender o processo evolutivo das espécies.