



MODELAGEM METABÓLICA EM ESCALA GENÔMICA DO PATÓGENO *Brucella abortus*

Universidade Federal de Viçosa

Knop, G. L.¹; Mendes, T. A. O.²; Pinto, B. R.³.

1. Discente do Curso de Bacharelado em Bioquímica da Universidade Federal de Viçosa. 2. Docente do Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular da Universidade Federal de Viçosa. 3. Doutorando vinculado ao Programa de Pós Graduação em Bioquímica Aplicada da Universidade Federal de Viçosa.

gabriele.knop@ufv.br | tiagoamendes@ufv.br | bruno.r.ribeiro@ufv.br

Centro de Ciências Biológicas e da Saúde | Área temática: Bioquímica | Grande área: Bioinformática | Categoria: Pesquisa

Palavras-chave: Bioquímica, Bioinformática, Modelagem Metabólica

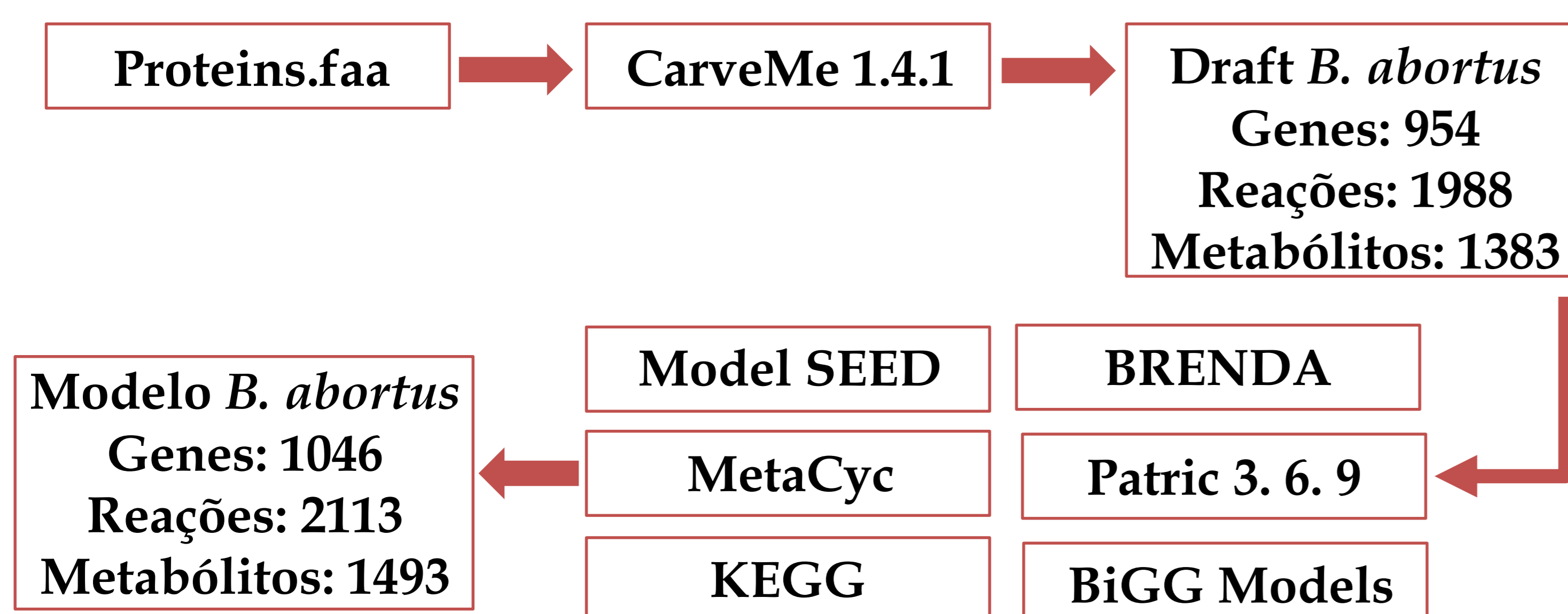
Introdução

A Brucelose é uma antropozoonose que ocorre por meio da infecção das células mononucleares fagocitárias por bactérias do gênero *Brucella*, incidindo prevalentemente no rebanho de bovinos e causando grandes prejuízos na criação de animais de produção. A *Brucella abortus* trata-se de uma α -proteobactéria gram-negativa, intracelular facultativa e patogênica de bovinos e também humanos, sendo um potencial problema de saúde pública. Logo, é de grande importância o estudo dos mecanismos moleculares e metabólicos durante o processo de infecção do hospedeiro por esta bactéria de interesse agropecuário para desenvolvimento de novos métodos de controle.

Objetivos

O objetivo deste trabalho é utilizar dados de sequências de proteínas do genoma para construir um modelo de rede metabólica de *Brucella abortus*, para estudo do metabolismo, incluindo a identificação de genes e reações associados aos processos biológicos cruciais para a infecção e novos biomarcadores para diagnóstico.

Material e Métodos



Resultados e Discussão

A princípio, foi gerado um Draft do modelo metabólico contendo 954 genes, 1988 reações e 1383 metabólitos baseado no genoma de *Brucella abortus* 2308. Após a etapa de curadoria manual, foram adicionados ao modelo 92 novos genes, 125 reações e 110 metabólitos, gerando um modelo final de 1046 genes, 2113 reações e 1493 metabólitos. Com as análises de FBA foi possível simular um crescimento in silico de 1.18g/L referente à massa seca por um litro de cultivo, além da secreção de CO₂, NH₃, Glicolato, Glicina, Alantoína e 2-Oxoglutarato.

Conclusões

Considerando-se o que foi anteriormente citado, conclui-se que o estudo da biologia de sistemas de *Brucella abortus* é extremamente importante. A próxima etapa deste trabalho consiste na integração de dados de RNAseq e metabolômica para a validação e otimização do modelo e identificação de vias metabólicas essenciais para o processo de infecção do patógeno.

Bibliografia

MEIRELLES-BARTOLI, Raphaella Barbosa; SOUSA, Daniel Bartoli de; MATHIAS, Luis Antonio. Aspectos da brucelose na saúde pública veterinária. Pubvet, Publicações em Medicina Veterinária e Zootecnia, Londrina, v. 8, n. 10, p. 1-30, maio 2014.

SERTBAS, Mustafa; ULGEN, Kutlu O.. Genome-Scale Metabolic Modeling for Unraveling Molecular Mechanisms of High Threat Pathogens. Frontiers In Cell And Developmental Biology, [S.L.], v. 8, n. , p. 1-22, 3 nov. 2020. Frontiers Media SA. <http://dx.doi.org/10.3389/fcell.2020.566702>.

Apoio Financeiro



Agradecimentos

