

COCIC XXVII CONGRESSO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA

PRODUÇÃO DE PROTEÍNAS QUIMÉRICAS RECOMBINANTES CONTENDO EPÍTOPOS ANTIGÊNICOS DE Bartonella henselae

HENRIQUE QUEIROZ SIMÃO¹; JÊNIFER MALHEIROS GONÇALVES²; AMANDA ROBERTA DE ALMEIDA³, DAIANE DRAWANZ HARTWIG^{2,4}

¹Graduação em Biotecnologia, CDTec, UFPel, Pelotas/RS – henriquue15@gmail.com

²Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia, CDTec, UFPel, Pelotas/RS

³Faculdade de Ciências Médicas, UNICAMP, Campinas/SP

⁴Departamento de Microbiologia e Parasitologia, Instituto de Biologia, UFPel, Pelotas/RS daianehartwig@gmail.com

1. INTRODUÇÃO

Bartonella henselae é uma bactéria Gram-negativa pertencente à família Rhizobiales, de crescimento fastidioso, intracelular facultativa e que pode infectar eritrócitos e células endoteliais de seus hospedeiros (GIL et al., 2013). Os gatos (Felis catus) são considerados reservatórios primários de B. henselae, enquanto que os humanos são considerados hospedeiros acidentais (BREITSCHWERDT, 2017). Dentro do gênero Bartonella, existem aproximadamente 22 espécies relacionadas com doenças em mamíferos (PENNISI et al., 2013), e B. henselae é considerada uma das espécies de maior importância médica, uma vez que infecta tanto gatos quanto humanos (BREITSCHWERDT, 2017).

Estudos demostram que a transmissão dessa bactéria para os gatos ocorre (Ctenocephalides diretamente pelo contato com pulgas felis), (BREITSCHWERDT, 2017; REGIER et al., 2016). Os gatos infectados albergam a bactéria no interior de seus eritrócitos, que podem ser ingeridos pelas pulgas, permanecendo em seu intestino. Posteriormente, as fezes destas pulgas contaminadas com B. henselae podem ser depositadas na pele dos gatos, e estes, ao se auto arranharem acabam contaminando suas garras (PENNISI et al., 2013). É dessa maneira que os humanos podem ser infectados, pela arranhadura de gatos, assim, B. henselae é considerada agente etiológico da Doenca da Arranhadura do Gato (Cat Scratch Disease - CSD), que é uma infecção frequentemente auto-limitante em indivíduos imunocompetentes (REGIER et al., 2016), e tem como principal sintoma a linfadenopatia regional (GIL et al., 2013).

O diagnóstico preciso de bartonelose é um grande desafio, principalmente em pacientes com infecção crônica e de longa duração. Diversas técnicas convencionais têm demostrado limitações diagnósticas. O diagnóstico padrão para essa doença é realizado por imunofluorescência indireta utilizando antígenos de células inteiras co-cultivadas em células Vero, que tem boa sensibilidade, no entanto, são caros e costumam apresentar reações cruzadas. Um método de diagnóstico que vem sendo muito utilizado é o ELISA (Enzyme Linked Immuno Sorbent Assay), que utiliza antígenos de células inteiras, no entanto, apresenta uma baixa sensibilidade e especificidade, assim, a utilização de proteínas purificadas poderia melhorar o diagnóstico desta doença (FERRARA et al., 2014). Alguns estudos com proteínas recombinantes têm sido publicados. Nestes, proteínas reconhecidamente antigênicas, como GroEL e 17-kDa (FERRARA et al., 2014), Pap31 (ANGKASEKWINAI et al., 2014), SucB (LITWIN et al., 2004) e P26 (WERNER et al., 2008) têm sido produzidas de forma recombinante, e têm sido testadas em ensaios sorológicos, principalmente no ELISA. Entretanto, em todos os ensaios as proteínas foram utilizadas de forma isolada, e, de forma geral, apresentaram baixa sensibilidade, o que reforça a necessidade do desenvolvimento de quimeras, o que poderia tornar os ensaios mais sensíveis e específicos. Assim, o objetivo desse estudo, foi a predição in silico de epítopos



estimuladores de linfócitos B e T, em proteínas antigênicas de *B. henselae* e a produção de proteínas quiméricas de maneira recombinante para uso em diagnóstico sorológico.

2. METODOLOGIA

Proteínas antigênicas de *B. henselae* foram selecionadas, a partir de estudos prévios encontrados na literatura e analisadas através de preditores disponíveis *online*. O preditor *Immune Epitope Database and Analysis Resource* (www.iedb.org) foi utilizado para a predição de epítopos de linfócitos B e T de humanos e gatos nas proteínas selecionadas. A ferramenta *Basic Local Alignment Search Tool* (www.blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi) foi aplicada para o descobrimento de regiões contendo similaridades entre as sequências das proteínas alvo.

O uso de tais ferramentas auxiliou na escolha de epítopos antigênicos de *B. henselae* para uso em diagnóstico sorológico. Após a identificação, as sequências dos epítopos foram sintetizados pela empresa GenOne (Rio de Janeiro, Brasil), gerando os genes sintéticos das quimeras Q1 (= 992 pb), Q2 (= 965 pb) e Q3 (= 1019 pb), estes foram obtidos clonados no vetor pAE, fundido com uma cauda N-terminal de 6×His. Os plasmídeos chamados pAE/Q1, pAE/Q2 e pAE/Q3 foram utilizados para transformar *Escherichia coli* BL21 (DE3) Star para produção das proteínas quiméricas recombinantes (rQ1, rQ2 e rQ3). A expressão das proteínas rQ1, rQ2 e rQ3 foi verificada por ensaio *Western Blot* (WB), a partir da reação com anticorpos anti-histidina, diluídos 1:10.000 (Sigma-Aldrich, USA). A antigenicidade das quimeras foi verificada também por WB, a partir da reação com anticorpos de humanos naturalmente infectados (diluição 1:50) por *B. henselae*, cedidos pela UNICAMP (Campinas, Brasil).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As proteínas rQ1, rQ2 e rQ3 foram expressas na forma insolúvel por *E. coli* BL21 Star (DE3) e apresentaram o tamanho esperado, todas com ~37 kDa. A confirmação da expressão se deu através de WB, com o reconhecimento das quimeras recombinantes no tamanho esperado, pelo anticorpo anti-6xHis (Fig. 1).

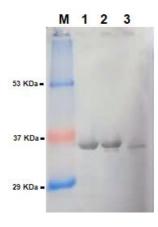


Figura 1: Confirmação da expressão das proteínas quiméricas rQ1, rQ2 e rQ3, produzida em *E. coli*, por *Western blotting* utilizando anticorpo anti-histidina. M: Marcador de peso molecular de Proteínas Pré Corado (Ludwig); 1: Proteína rQ1(37 kDa); 2: Proteína rQ2 (35 kDa); 3: Proteína rQ3 (37 kDa).



As quimeras mostraram-se funcionais e antigênicas, reagindo com anticorpos presentes no soro de pacientes naturalmente infectados, conforme evidenciado na Figura 2. A quimera rQ1 reagiu mais fracamente em comparação a rQ2 e rQ3.

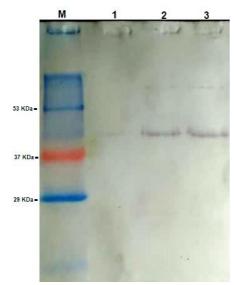


Figura 2: Avaliação da antigenicidade das quimeras rQ1, rQ2 e rQ3 produzidas em *E. coli. Western blotting* utilizando soro de humano naturalmente infectado por *B. henselae*. M: Marcador de peso molecular de Proteínas Pré Corado (Ludwig); 1: Proteína rQ1(37 kDa); 2: Proteína rQ2 (35 kDa); 3: Proteína rQ3 (37 kDa).

4. CONCLUSÕES

As proteínas rQ1, rQ2 e rQ3 foram expressas com sucesso no sistema procarioto *E. coli* e reconhecidas por anticorpos presentes no soro de humanos naturalmente infectados por *B. henselae*. Isto indica que a predição *in silico* de epítopos nas proteínas alvo, envolvidos na indução de resposta imunológica mediada por anticorpos, mostrou-se eficaz, visto que as proteínas quiméricas recombinantes reagiram com anticorpos produzidos contra as proteínas nativas durante a infecção natural. Assim, a aplicação das quimeras construídas indica ser promissora no desenvolvimento de testes de diagnóstico sorológico para *B. henselae*.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ANGKASEKWINAI, N., ATKINS, E.H., ROMERO, S., GRIECO, J., CHUNG CHAO, C., CHING, W.M. An evaluation study of enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) using recombinant proten Pap31 for detection of antibody against *Bartonella bacilliformis* infection among the peruvian population. **Am. J. Trop. Med. Hyg.**, v. 90, p. 690-696, 2014.

BREITSCHWERDT, E. Bartonellosis, One Health and all creatures great and small. **Vet. Dermatol.,** v. 28, p. 96-e21, 2017.

FERRARA, F., DI NIRO, R., D'ANGELO, S., BUSETTI, M., MARCARI, R., NOT, T., SBLATTERO, D. Development of an enzyme-linked immunosorbent assay for *Bartonella henselae* infection detection. **Letters Applied Microbiol**., v. 59, p. 253-262, 2014.



COCIC XXVII CONGRESSO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA

GIL, H., ESCUDERO, R., PONS, I., RODRIGUEZ-VARGAS, M., GARCÍA, E., RODRÍGUEZ-MORENO, I., et al. Distribution of *Bartonella henselae* variants in patients, reservoir hosts and vectors in Spain. **Plos One.**, v. 8, p. 1-10, 2013.

LITWIN, C.M., JOHNSON, J.M., MARTINS, T.B. The *Bartonella henselae* sucB gene encodes a dihydrolipoamide succinyltransferase protein reactive with sera from patients with cat-scratch disease. **J. Med. Microbiol.**, v. 53, p. 1221-1227, 2004.

PENNISI, M.G., MARSILIO, F., HARTMANN, K.,et al. *Bartonella* species infection in cats – ABCD guidessline on prevention and managment. **J. Fel. Med. Surg.**, v.15, p. 563-569, 2013.

REGIER, Y, O'ROURKE, F., KEMPF, V.A.J. Bartonella spp. – a chance to establish One Health concepts in veterinary and human medicine. **Parasites Vectors.**, v. 9, p. 1-12, 2016.

WERNER, J.A., FENG, S., KASTEN, R.W., HODZIC, E., CHOMEL, B.B., BARTHOLD, S.W. Cloning, characterization, and expression of *Bartonella henselae* p26. **Clin. Vac. Immunol.**, v. 13, p. 830-836, 2006.