

DIVERSIDADE PATOGÊNICA DE CEPAS DE *Entamoeba histolytica* NA ERA PÓS-GENÔMICA

Thalita Galdino de Oliveira

Brenno de Melo Ramos

Mariana Bratz da Silva

Alexandra Tavares Geron Abraão

Ângela Alves Viegas

Palavras-Chave: Amebíase, Genoma, Diversidade, Patogenia

Introdução

As infecções por *Entamoeba histolytica* são resultado de problemas sanitário-ambientais presentes, principalmente, em países em desenvolvimento. O conhecimento dos fatores envolvidos na relação parasito-hospedeiro que promovem a invasão em tecidos, pelo agente etiológico da amebíase e único protozoário intestinal humano patogênico invasivo, tornou-se uma das prioridades preconizadas pela comissão de especialistas em amebíase da WHO, OPAS e UNESCO e oficializadas em 1997 (WHO, 1997).

Desenvolvimento

O objetivo desta revisão é levantar os mais novos aspectos da diversidade patogênica da amebíase intestinal e extra-intestinal descobertos após o sequenciamento do genoma da *E. histolytica* (LOFTHUS et al., 2005). A análise do genoma de diversas cepas do protozoário mostra a expressão diversificada de genes e similaridades proteicas entre os produtos virulentos envolvidos em diversas etapas da patogenia, da adesão às lesões necróticas. Para o patógeno realizar a adesão na mucosa intestinal, é imprescindível que os trofozoítos secretem cisteína-proteinases para degradação do muco presente. Dependendo da virulência da cepa, observa-se um padrão diferente de cisteína-proteinases secretadas e que possivelmente desempenham papéis distintos e importantes em diferentes ambientes. Além disso, cepas avirulentas possuem menor expressão destas enzimas. Na adesão, tal diversidade de cepas parece ter menor relevância pelo fato da apoptose desencadeada após a adesão com posterior sinalização

intracelular, ocorrer tanto em cepas mais ou menos virulentas (sem produção de amebaporos e de cisteína-proteinase A5) (FAUST et al., 2011). Já a resistência ao estresse oxidativo promovido pelas células do sistema imune ocorre de maneira mais significativa nas cepas virulentas. Em relação a cepas avirulentas, a principal diferença se refere a menor expressão de genes responsáveis pela expressão de moléculas de reconhecimento e adesão epitelial (GalNAc-lectina). Por fim, nota-se que há também variabilidade genética notável entre as amebas isoladas do intestino e do fígado do mesmo paciente, sugerindo que nem todas as cepas de *E. histolytica* tem a mesma capacidade de alcançar o fígado do hospedeiro infectado (ALI et al., 2008).

Considerações Finais

Apesar do vasto conhecimento existente sobre a bioquímica, biologia celular e molecular da *E. histolytica*, são necessários mais estudos, principalmente àqueles aplicados na compreensão das lesões observadas em pacientes com amebíase intestinal, não só para melhor entendimento do funcionamento genômico, mas para desenvolvimento de ferramentas para diagnóstico e levantamento epidemiológico mais eficientes.

Referências

FAUST et al. Human liver sinusoidal endothelial cells respond to interaction with *Entamoeba histolytica*. *Cellular Microbiology* (2011) 13(7), 1091–1106.

LOFTUS et al. The genome of the protist parasite *Entamoeba histolytica*. *Nature* 2005; 433: 865–868.

WHO. Amoebiasis. Mexico City. Geneva-WHO. W. *Epidemiol. Rec*, 72:97-100, 1997.

ALI et al. Tissue invasion by *Entamoeba histolytica*: evidence of genetic selection and/or DNA reorganization events in organ tropism. *PLoS Negl Trop Dis* 2008, 2:e219.