doi: 10.5123/S2176-6223202602088

Seção Temática 90 anos do IEC

Genômica comparativa em *Leishmania* spp.: identificação de marcadores evolutivos e novos alvos terapêuticos

Comparative genomics in *Leishmania* spp.: identification of evolutionary markers and novel therapeutic targets

Camila Cristina Cardoso Gomes[1], Edivaldo Costa Sousa Júnior[2], Lourdes Maria Garcez[1,3]

[1] *Universidade Estadual do Pará, Belém, Pará, Brasil*
[2] *Instituto Evandro Chagas, Seção de Virologia, Ananindeua, Pará, Brasil*
[3] *Instituto Evandro Chagas, Seção de Parasitologia, Ananindeua, Pará, Brasil*

INTRODUÇÃO

As leishmanioses representam um grave problema de saúde pública na Amazônia, onde a diversidade de espécies e as limitações terapêuticas dificultam o controle da doença. A conservação genômica em *Leishmania* possibilita identificar vulnerabilidades biológicas e alvos de amplo espectro[1]. Este estudo analisou a arquitetura genômica de sete espécies neotropicais de *Leishmania* via genômica comparativa, visando mapear regiões conservadas e alvos terapêuticos.

METODOLOGIA

Dados Illumina de nove isolados (*L. amazonensis*, *L. infantum*, *L. braziliensis*, *L. guyanensis*, *L. shawi*, *L. naiffi* e *L. lainsoni*) foram montados *de novo* (MEGAHIT) e filtrados (BLASTn). A reconstrução cromossômica e sintenia deu-se com ABACAS e MUMmer4 (*L. major* como referência). A anotação empregou *software* AUGUSTUS e o pangenoma foi inferido com GET_HOMOLOGUES[2]. Dados do *core-genome* foram cruzados com um banco personalizado de alvos farmacêuticos para priorização de proteínas conservadas.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As montagens geraram 29,4–33,7 Mbp e 7.522–7.793 genes. O teor de GC (57,15%–57,71%) em *L. (Viannia)* e (59,38%–59,59%) em *L. (Leishmania)* atuou como marcador taxonômico estável. A sintenia revelou conservação e fusões distintas (20+34 em *L. (Viannia)*; 20+36 e 8+29 em *L. amazonensis*). Mapearam-se 9.964 grupos ortólogos, sendo 6.256 universais (*core-genome*), indicando pangenoma aberto[3]. Priorizaram-se seis alvos promissores: NTMT1, MPK10, BDF2, PdxK, BDF5 e TKUL.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A abordagem pangenômica mapeou a diversidade evolutiva de *Leishmania* e identificou possíveis alvos terapêuticos conservados no *core-genome*, fornecendo subsídios para o desenvolvimento de novos fármacos.

Palavras-chave: Genômica Comparativa; *Leishmania*; Bioinformática.

Eixo Temático: Parasitologia.

REFERÊNCIAS

1 Ivens AC, Peacock CS, Worthey EA, Murphy L, Aggarwal G, Berriman M, et al. The genome of the kinetoplastid parasite, *Leishmania major*. Science. 2005 Jul;309(5733):436-42.

2 Contreras-Moreira B, Vinuesa P. GET_HOMOLOGUES, a versatile software package for scalable and robust microbial pangenome analysis. Appl Environ Microbiol. 2013 Dec;79(24):7696-701.

3 Costa LGA, Sousa Junior EC, Cardoso CC, Igreja MAF, Acosta FS, Silva FR, et al. Resequencing and de novo assembly of *Leishmania (Viannia) guyanensis* from Amazon region: genome assessment, phylogenetic insights and therapeutic targets. Pathogens. 2026 Jan;15(1):124.

Correspondência / Correspondence:
Camila Cristina Cardoso Gomes
Universidade Estadual do Pará
Travessa Perebebuí, nº 2623. Bairro: Marco – CEP: 66095-662 – Belém, Pará, Brasil
E-mail: camilaccg94@gmail.com